

**Die Zeitseparationstechnik:
eine effiziente modellbasierte Rekonstruktionstechnik für die
computertomographische Perfusionsbildgebung**

Dissertation

zur Erlangung des akademischen Grades

**doctor rerum naturalium
(Dr. rer. nat.)**

von Master of Science, Sebastian Bannasch

(akademischer Grad, Vorname, Nachname)

geb. am 23.11.1982 in Hamburg, Deutschland

genehmigt durch die Fakultät für Mathematik
der Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg

Gutachter: Professor Doktor rer. nat. Gerald Warnecke
(akademischer Grad, Vorname, Nachname)

Professor Doktor rer. nat. Georg Rose
(akademischer Grad, Vorname, Nachname)

Professor Doktor rer. nat. Armin Iske
(akademischer Grad, Vorname, Nachname)

eingereicht am: 15.05.2019

Verteidigung am: 13.12.2019

Eidesstattliche Ehrenerklärung

Ehrenerklärung

Ich versichere hiermit, dass ich die vorliegende Arbeit ohne unzulässige Hilfe Dritter und ohne Benutzung anderer als der angegebenen Hilfsmittel angefertigt habe; verwendete fremde und eigene Quellen sind als solche kenntlich gemacht.

Ich habe insbesondere nicht wissentlich:

- Ergebnisse erfunden oder widersprüchliche Ergebnisse verschwiegen,
- statistische Verfahren absichtlich missbraucht, um Daten in ungerechtfertigter Weise zu interpretieren,
- fremde Ergebnisse oder Veröffentlichungen plagiiert oder verzerrt wiedergegeben.

Mir ist bekannt, dass Verstöße gegen das Urheberrecht Unterlassungs- und Schadenersatzansprüche des Urhebers sowie eine strafrechtliche Ahndung durch die Strafverfolgungsbehörden begründen kann.

Die Arbeit wurde bisher weder im Inland noch im Ausland in gleicher oder ähnlicher Form als Dissertation eingereicht und ist als Ganzes auch noch nicht veröffentlicht.

Neu Wulmstorf, 20.01.2020
(Ort, Datum)

(Unterschrift)

Declaration of Honor

I hereby declare that I produced this thesis without prohibited assistance and that all sources of information that were used in producing this thesis, including my own publications, have been clearly marked and referenced.

In particular I have not wilfully:

- Fabricated data or ignored or removed undesired results.
- Misused statistical methods with the aim of drawing other conclusions than those warranted by the available data.
- Plagiarised data or publications or presented them in a disorted way.

I know that violations of copyright may lead to injunction and damage claims from the author or prosecution by the law enforcement authorities.

This work has not previously been submitted as a doctoral thesis in the same or a similar form in Germany or in any other country. It has not previously been published as a whole.

Oft liegen die Dinge so, dass mathematische Theorien in abstrakter Form vorliegen, vielleicht als unfruchtbare Spielerei betrachtet, die sich plötzlich als wertvolle Werkzeuge für physikalische Erkenntnisse entpuppen und so ihre latente Kraft in ungeahnter Weise offenbaren.

Johann Radon (1887 - 1956)
Osterreichischer Mathematiker

Abstrakt

Die Computertomographie (CT) ist ein auf Röntgenstrahlen basierendes bildgebendes Verfahren, welches zur medizinischen Diagnostik und zur zerstörungsfreien (Material-) Prüfung eingesetzt wird. Dabei bildet die Komposition vieler zweidimensionaler Schicht-Bilder¹ ein dreidimensional aufgelöstes tomographisches Bild, das CT-Bild, welches einen Einblick in das Innere eines Objekts ermöglicht. Die Schicht-Bilder wiederum werden aus einer Vielzahl von Röntgenaufnahmen berechnet beziehungsweise rekonstruiert.

Die mathematisch-physikalische Beschreibung eines CT-Rekonstruktion-Problems führt jedoch schon unter vereinfachter Voraussetzung auf ein sogenanntes *schlecht gestelltes inverses Problem* hinaus, welche im Allgemeinen sehr schwer oder gar nicht lösbar ist. Der bekannteste Modellierungsansatz ist auf Johann Radon mit der Radon-Transformation zurückzuführen, welches ein wesentlicher Bestandteil im Themengebiet der Integralgeometrie ist.

Die Rekonstruktion der CT-Bilder erfordert also stabile Algorithmen, die die Inversion der CT-Systeme robust berechnen können. In dieser Arbeit steht der klinische Einsatz im Vordergrund, sodass der Anspruch an die Verfahren sehr hoch ist. Denn bei Röntgen-Strahlung handelt es sich um ionisierende (elektromagnetische) Strahlung, die selbst die Wahrscheinlichkeit einer Krebserkrankung erhöhen kann. Eine Reduktion der Patientendosisbelastung führt dabei eine Degeneration der Datenqualität mit sich, sodass stets neue Methoden und Techniken benötigt werden, die in kurzer Zeit zuverlässige CT-Bilder für die Diagnostik liefern können. Daher stellt die Computertomographie ein sehr mannigfaltiges Forschungsgebiet dar, zu dem Beiträge aus der Mathematik, Physik, Informatik und dem Ingenieurwesen geleistet werden.

Möchte man in diesem Zusammenhang eine dynamische Computertomographie, die zur Schlaganfall-Diagnostik eingesetzt wird, mit einem Angiographie-System ermöglichen, steht man außer einer hohen Dosisbelastung weiteren besonders hohen Schwierigkeiten gegenüber. Insbesondere die langen Akquisitionszeiten für eine sogenannte CT-Perfusions-Messung mit einem Angiographie-System erschweren eine in der verfügbaren Zeit aufgelöste CT-Rekonstruktion ungemein. Grund hierfür ist, dass die dynamischen Daten temporal unterabgetastet sind.

In dieser Arbeit wird daher *a priori* Wissen durch einen Modellansatz in die Rekonstruktionsalgorithmik integriert, um dieser Unterabastung entgegenzuwirken. Die Quintessenz bei der modellbasierten Zeitseparationstechnik, die hier vorgestellt wird, ist die starke Reduktion der Rechenkomplexität. Denn während ein modellbasierter Ansatz zwar die Genauigkeit einer dynamischen Rekonstruktion im Vergleich zu Verfahren, die auf der gefilterten Rückprojektion basieren, steigern kann, findet er dennoch keine Anwendung in der Praxis. Grund hierfür sind die langen Rechenzeiten, die eine schnelle Bereitstellung von CT-Bildern verhindern, sodass Bilder trotz minderer Genauigkeit bevorzugt werden.

In dieser Arbeit zeigen wir daher anhand einer Simulationsstudie, dass die Zeitseparationstechnik eine effiziente modellbasierte Rekonstruktionstechnik für computertomographische Perfusionsbildgebung ist.

¹*tomos* ist griechisch für *Schicht* und das Suffix *-graphie* ist griechisch für *zeichnen*.

Abstract

Computed tomography (CT) is an X-ray based imaging system. It is used for medical diagnostics and non-destructive testing. The composition of different two-dimensional layers forms a three-dimensional sampled tomographic image, the CT-image. The CT-image provides an insight into the interior of an object. The slices are reconstructed from a large number of X-ray images.

The mathematical-physical model of a CT reconstruction problem leads to a so-called ill posed inverse problem. Generally, an ill posed inverse problem is very hard or impossible to solve. The best known modelling approach is based on the work of Johann Radon. The Radon transformation is an essential component in the field of integral geometry.

The CT reconstruction requires stable algorithms that can robustly calculate the inversion of a CT system. This work focuses on clinical use, so that the standards for the techniques are very high. This is due to the fact that X-rays are ionising (electromagnetic) radiation that can even increase the probability of developing cancer. A reduction of the X-ray dose leads to a degeneration of the data quality. Hence, new methods and techniques are needed that can provide rapid and accurate CT images for diagnostics. Therefore, computed tomography is a very diverse field of research with contributions from mathematics, physics, computer science and engineering are made.

Dynamic computer tomography, using an angiography system for stroke diagnosis, results in high difficulties. In particular, the slow acquisition times for a so-called CT perfusion measurement make it extremely hard to reconstruct an in time resolved CT image. The reason for this is that the dynamic data are temporally under-sampled.

In this thesis, *priori* knowledge is integrated into the reconstruction algorithm by means of a model approach in order to handle this under-sampled problem. The quintessence of the model-based *time separation technique* (TST) presented here is the strong reduction of computational complexity. While a model-based approach can increase the accuracy of a dynamic reconstruction compared to methods based on the filtered back projection, they still have no practical applications. However, this is due to the high computational effort that avoid the rapid delivery of CT images. Hence, the reconstructions with inferior accuracy are preferred.

In this study we show by means of simulations that the time separation technique is an efficient model-based reconstruction technique for computer tomographic perfusion imaging.

Finanzierung

Diese Arbeit wird teilweise das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) im Rahmen des Forschungscampus *STIMULATE* unter dem Förderkennzeichen 13GW0095A, durch die Graduiertenförderung des Landes Sachsen-Anhalt sowie aus European Structural and Investment Funds (ESF) - Mitteln im Rahmen der Internationalen Graduiertenschule MEMORIAL unter dem Förderkennzeichen ZS\2016\08\80646 gefördert.

Inhaltsverzeichnis

Abbildungs- und Tabellenverzeichnis	9
1. Einleitung	15
2. Rekonstruktionstheorie der Computertomographie	25
2.1. Einführung in die Computertomographie	26
2.2. Einführung in die Numerik linearer Ausgleichsprobleme	33
2.3. Analytische Rekonstruktionstheorie	43
2.4. Algebraische Rekonstruktionstheorie	60
3. Spezielle Methoden der Computertomographie	85
3.1. Problematiken der C-Bogen-basierten Computertomographie	86
3.2. Weiterführende iterative Rekonstruktionstechniken	90
4. Dynamische Computertomographie	125
4.1. Perfusionsbildgebung	126
4.2. Raum-Zeit-Separationsmodell	133
4.3. Die Zeitseparationstechnik	134
5. Zusammenfassung und Ausblick	161
5.1. Zusammenfassung	162
5.2. Ausblick	164
Primärliteratur	167
Sekundärliteratur	175
A. Appendix	177
A.1. Weitere Beispiele für Schwartz-Funktionen	177
A.2. Sudoku-Matrix	178
A.3. Die Klasse der expliziten Runge-Kutta-Verfahren	179
A.4. Weitere Illustrationen von TST-Rekonstruktionen	182

Abbildungsverzeichnis

1.1. Siemens Nexaris Therapy Suites	20
2.1. Illustration des Lambert-Beer'schen Gesetzes	28
2.2. Fächerstrahlengeometrie	30
2.3. Parameterisierung von Röntgenstrahlen	31
2.4. Schwächung eines monochromatischen Röntgenstrahls entlang eines Stabs	34
2.5. Zehn-Mark-Schein	38
2.6. Sinogramm von einem verschobenen Gauss	47
2.7. Sinogramm des Shepp-Logan Phantoms	47
2.8. Fourier-Scheiben-Theorem	49
2.9. Tiefpassfilter	53
2.10. Vergleich zwischen einer gefilterten und einer ungefilterten Rückprojektion	55
2.11. Sinc-Funktion	57
2.12. Ram-Lak-Tiefpassfilter	58
2.13. Relativer Fehler der Rekonstruktionen	61
2.14. Relativer Fehler der geklemmten Rekonstruktionen	62
2.15. Kaczmarz Schema für 2D	72
3.1. Siemens Artis Zeego	86
3.2. Kurz-Akquise	91
3.3. Newton-Kaczmarz-Schritt 1	99
3.4. Newton-Kaczmarz-Schritt 2	100
3.5. Dynamischer Relaxationsparameter	101
3.6. Implizites Kaczmarz-Verfahren	107
3.7. Parallelstrahlengeometrie gegen Fächerstrahlengeometrie	108
3.8. Stabilitätsbereich der Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren	111
3.9. Stabilitätsbereich der Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren mit Huber-Regularisierung	113
3.10. Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren	116
3.11. Rekonstruktionen im Vergleich 1	117
3.12. Rekonstruktionen im Vergleich 2	118
3.13. Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren nach 50 Iterationen im Vergleich	119
3.14. Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren im weiteren Vergleich	120
3.15. Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren nach 50 Iterationen im Vergleich	121
4.1. Trajektorie eines C-Bogen-Systems	128
4.2. Perfusionskarten im Vergleich	130
4.3. ML-Geschwindigkeit	131
4.4. Gamma-variate Basisfunktionen	138
4.5. Dynamisches Sheep-Logan Phantom	139
4.6. CBV der modellbasierten Rekonstruktion des dynamischen Sheep-Logan-Phantoms	140
4.7. Dynamische Grauwerte der modellbasierten Rekonstruktion des dynamischen Sheep-Logan-Phantoms	141
4.8. Ideale ONB generiert aus den Dynamiken des DBPs	145

4.9. Vergleich zwischen TST und PSt (CBF)	146
4.10. Weitere Illustration der TST (CBF) in sagittaler und koronaler Perspektive	147
4.11. Dynamische Grauwerte spezieller Voxel	148
4.12. Relativer Fehler vom Akquisition-Modus VI	149
4.13. ONB generiert aus 25 Gamma-varianten zusammen mit den Singulärwerten .	150
4.14. Vergleich der CBF zwischen TST-FDK und TST-ART	151
4.15. Vergleich der MTT zwischen TST-FDK und TST-ART	151
4.16. Vergleich der TTP zwischen TST-FDK und TST-ART	152
4.17. Vergleich der CBV zwischen TST und PSt	152
4.18. Relativer Fehler vom Akquisition-Modus VII	153
4.19. Dynamische Grauwerte spezieller Voxel (Bilder entstammen dem Artikel Bannasch et al. [BFP ⁺ 18]): Wir sehen hier die AIF und eine ausgewählte Kurve der Penumbra. Aufgrund des Maskenabzugs werden die Grauwerte hier in Δ HU gezeigt.	154
4.20. Rekonstruierte CBF und CBV	155
4.21. Relativer Fehler vom Akquisition-Modus VIII mit Runge-Kutta-Verfahren .	156
4.22. Rekonstruierte Gewichtungskoeffizienten	157
5.1. Zusammenfassung der TST-MBPR	163
5.2. Exemplarischer Abtastpunkt einer 4D-CT-Rekonstruktion	164
A.1. Der Beweis von Kaczmarz	178
A.2. Stabilitätsgebiet des klassischen Runge-Kutta-Verfahrens	182
A.3. Weitere Illustration der TST (CBV)	183
A.4. Weitere Illustration der TST (MTT)	184
A.5. Weitere Illustration der TST (TTP)	185

Tabellenverzeichnis

1.1.	Time is Brain	17
1.2.	Technischer Vergleich zwischen CT und C-Bogen-CT	18
2.1.	Hilbert-Matrix-Test	40
2.2.	Anzahl an Iterationen verschiedener Kaczmarz-Verfahren im Vergleich	81
2.3.	Technische Parameter für den Akquisition-Modus 0	84
2.4.	Anzahl an Iterationen des Landweber-Kaczmarz-Verfahrens bei konsistenten Daten im Vergleich	84
3.1.	Physikalische Effekte im Röntgenbereich	88
3.2.	Technische Parameter für den Akquisition-Modus I	98
3.3.	Technische Parameter für den Akquisition-Modus II	102
3.4.	Technische Parameter für den Akquisition-Modus II.1	106
3.5.	Kaczmarz-artige Zeitfluss-Verfahren im Vergleich	114
3.6.	Technische Parameter für den Akquisition-Modus III	115
4.1.	Medizinische Parameter	129
4.2.	Technische Parameter für den Akquisition-Modus IV: C-Bogen-CT-Perfusion	132
4.3.	Technische Parameter für den Akquisition-Modus V: C-Bogen-CT-Perfusion	137
4.4.	Vergleich der TST mit dem iterativen Verfahren (4.11) in der Performanz	142
4.5.	Technische Parameter für den Akquisition-Modus VI: C-Bogen-CT-Perfusion	143
4.6.	Medizinische Parameter II	144
4.7.	Technische Parameter für den Akquisition-Modus VII: C-Bogen-CT-Perfusion	149
4.8.	Technische Parameter für den Akquisition-Modus VIII: C-Bogen-CT-Perfusion	155
4.9.	C-Bogen-CT-Perfusion nach Tabellen 4.7 und 4.8	157
A.1.	Das Butcher-Schema für explizite Verfahren	180

1. Einleitung

Einführung in die Perfusionsbildgebung

Im Allgemeinen wird das menschliche Gewebe durch einen arteriellen Input mit sauerstoffbeziehungsweise nährstoffreichem Blut versorgt. Anschließend werden CO₂ und andere Stoffwechselendprodukte im Wesentlichen über einen venösen Abfluss abtransportiert. Zum Stoffaustausch sind aber auch spezielle Gefäße, die Kapillaren, notwendig. Beim Gehirn wiederum ist das Besondere an der Perfusion, dass eine Blut-Hirn-Schranke existiert und damit im Normalfall nur wenige Substanzen in das Hirngewebe eindringen können.

Dieser dynamische Prozess, der im Volksmund als Durchblutung bekannt ist, wird als Perfusion bezeichnet. Das heißt, der Begriff definiert die Menge an Blut, die ein bestimmtes Volumen an Hirngewebe durchfließt.

Folglich werden bildgebende Verfahren zur Zeit-aufgelösten Visualisierung der Perfusion, wie zum Beispiel basierend auf einer Computertomographie (CT), einer Flachdetektor-CT (FDCT), welche wir in dieser Arbeit unter dem Begriff der Kegelstrahlen-CT beschreiben und mit CBCT abkürzen werden, oder einer Magnetresonanztomographie (MRT), dem Begriff der Perfusionsbildgebung zugeordnet.

Bemerkung Dieser Abschnitt beruht zwar auf den Erkenntnissen, die unter anderem auf die aufgeführte Literatur und Sekundärliteratur zurückgeführt werden können, wurden aber insbesondere auch unter dem Dach vom Forschungscampus *STIMULATE* in Zusammenarbeit mit Dr. Oliver Beuing der medizinischen Fakultät (Universitätsklinik für Neuroradiologie, Universitätsklinikum Magdeburg A.ö.R.) überarbeitet (Stand 2019). □

Üblicherweise wird dem Patienten vor dem jeweiligen bildgebenden Verfahren ein Kontrastmittel injiziert, um das Signal für die dynamische Bildgebung zu verstärken. Beschränken wir uns auf die zwei genannten Röntgen-basierten Verfahren, so handelt es sich beim Kontrastmittel um eine Flüssigkeit mit verhältnismäßig hohen Röntgen-Absorptionseigenschaften. Das kann beispielsweise bei einer Röntgen-basierten Bildgebung eine spezielle Jod-Lösung sein und wird Bolus genannt.

Bei einer *digitalen Subtraktions-Angiographie* (DSA), die beispielsweise mit einem C-Bogen-System realisiert werden kann, handelt es sich um ein Zeit-aufgelöstes Verfahren mittels einer Serie von 2D-Projektionen aus einem einzelnen Blickwinkel. Um den Kontrast vom Bolus innerhalb der Perfusion zu verstärken, wird eine statische Projektion von den Zeit-aufgelösten 2D-Projektionen subtrahiert und auch 2D-DSA genannt.

Die DSA ist zwar ein weiteres Zeit-aufgelöstes bildgebendes Verfahren, aber aufgrund der mangelhaften Güte der Bildgebung liefert dieses nur eine sehr grobe und auch nicht quantifizierbare medizinische Aussage über die Perfusion. Daher wird auch zwischen der DSA als Zeit-aufgelöstes Verfahren und der Perfusionsbildgebung im engeren Sinn unterschieden.

Wir grenzen uns daher in dieser Arbeit von der DSA ab und schränken den Begriff der Perfusionsbildgebung auf das computertomographische Verfahren ein, welches durch die Zeit-aufgelöste Schichtbildgebung eine *vollwertige* 4D-Perfusionsbildgebung darstellt. Im medizinischen Fachterminus wird diese *kurz* als Perfusionsbildgebung bezeichnet und ist ein wichtiges radiologisches Werkzeug in der medizinischen Diagnostik.

Medizinischer Hintergrund

Der Schlaganfall ist laut *World Health Organization* (WHO) einer der Krankheiten mit der höchsten Mortalitätsrate und stellt eine akut auftretende Erkrankung des Gehirns dar. Allein in Deutschland ist er nach der Statistik des *Statistischen Bundesamts* 2016 die dritthäufigste Krankheit mit Todesfolge und kann in zwei Typen unterschieden werden:

- Der *hämorrhagische* Schlaganfall, auch als Gehirnblutung bekannt, ist eine intrazerebrale

Verlust ^a	an Neuronen	an Synapsen
pro Schlaganfall	$1,2 \cdot 10^9$	$1,2 \cdot 10^{12}$
pro Stunde	$120 \cdot 10^6$	$830 \cdot 10^9$
pro Minute	$1,9 \cdot 10^6$	$14 \cdot 10^9$
pro Sekunde	$32 \cdot 10^3$	$230 \cdot 10^6$

Tabelle 1.1.: Time is Brain

^aDie Daten entstammen aus dem Artikel von Saver [Sav06]

Blutung und stellt mit einem Anteil von $\sim 15\%$ zwar den seltener auftretenden Typ dar, jedoch auch den mit höherer Mortalitätsrate. Auslöser können dabei eine verletzte Arterie oder auch ein geplatztes Aneurysma (eine pathologische Gefäßaussackung) im Gehirn sein.

- Der mit $\sim 85\%$ größere Anteil der Erkrankten erleidet einen *ischämischen* Schlaganfall. Er bezeichnet das Perfusionsdefizit, das eine Sauerstoffunterversorgung (Hypoxie) des Gewebes zur Folge hat. Verursacht wird ein solches Defizit durch eine Verengung oder sogar vollständigen Verschluss einer Arterie. Diese kann wiederum aus einer Embolie, also einer teilweisen beziehungsweise vollständigen Verstopfung einer Arterie, resultieren.

Die Algorithmik, die in dieser Arbeit zur Perfusionsbildgebung vorgestellt wird, zielt vorwiegend auf die Bildgebung ab, wie sie zur Diagnostik eines solchen ischämischen Schlaganfalls verwendet wird.

Der One-Stop-Shop

Die Diagnostik eines Schlaganfalls ist das Fundament einer erfolgreichen Behandlung und muss immer der Therapie vorangehen. Es wird dabei untersucht, ob die Symptome des Patienten durch einen ischämischen oder hämorrhagischen Schlaganfall verursacht werden oder zu der Erkrankungs-Gruppe gehört, die sich engl. *stroke mimics* nennt. Dazu zählen beispielsweise Krampfanfälle, *Intoxikationen* und *Stoffwechsellentgleisungen*.

Eine moderne medizinische Methode der Behandlung ist die Bild-gestützte minimal-invasive Intervention und wird bislang nur zur Behandlung der Verschlüsse von großen Gefäßen, den engl. sogenannten *large vessel occlusions*, durchgeführt. Für diesen Eingriff wird ein Katheter eingesetzt, der für eine Therapie in das Gehirngewebe eingeführt wird.

Für eine effiziente Koordinierung des Instruments wird auch ein Angiographie-System, wie ein in Abbildung 3.1 gezeigtes Artis Zeego, eingesetzt.

Die Problematik liegt in der räumlichen Trennung von Radiologie und OP. Das bedeutet, dass zwischen der Diagnostik und der Therapie wertvolle Zeit durch die Umlagerung, Verkabelung und dem Transport des Schlaganfall-Patienten verloren geht. Für einen entsprechenden Eindruck sehen wir in Tabelle 1.1, dass jede Sekunde bei einem Schlaganfall zählt. Das Konzept One-Stop-Shops, wie in den Artikeln von Tong et al. [TKW15], Maier et al. [MSCH14] sowie Fiesemann und Mannhart [FM13a] beschrieben, beinhaltet das Konzept eines OPs ausgestattet mit einer vollwertigen Perfusionsbildgebung, sodass sowohl die Diagnostik, als auch die Therapie ohne weitere zeitraubende Hindernisse stattfinden kann. Die Überschrift *Time is Brain* spielt dabei auf die gesundheitliche und lebensbedrohliche akute Brisanz an und ist ebenfalls der Leitfaden des *One-Stop-Shops*, der von der Forschungsgruppe *Neuronale Bildgebung* im Forschungscampus *STIMULATE* (Stand 2018) fokussiert wird. Daher wurden unter dem Dach vom Forschungscampus *STIMULATE* Tierexperimentelle Forschungsarbeiten zum One-Stop-Shop durchgeführt, die in der Experimentellen Fabrik zusammen mit Professor Dr. Martin Skalej der medizinischen Fakultät (Universitätsklinik für Neuroradiologie, Universitätsklinikum Magdeburg A.ö.R.) durchgeführt wurden.

Vergleich	C-Bogen-CT	Konventionelles CT
Einsatzgebiet/Standort	Angiographie (Therapie)	Radiologie (Diagnostik)
Konstruktion	offen und beweglich	geschlossen und fest
CT-Bildgebung	Kegelstrahl-CT	Spiral-CT
Geschwindigkeit	$\sim 5 - 20$ s pro 200° -Rotation	$\sim 0,3$ s pro 360° -Rotation
Perfusion	limitiert durch Geschwindigkeit ^a	limitiert durch Dosis

Tabelle 1.2.: Technischer Vergleich zwischen CT und C-Bogen-CT

^aDie dynamische 4D-Bildgebung ist hier gar nicht ohne weiteres möglich.

Computertomographische Perfusionsbildgebung

Möchte man das Konzept des One-Stop-Shops mit lediglich einem bildgebenden System ermöglichen, stehen wir einer Vielzahl von Problemen gegenüber. Unter anderem erschweren geschlossene Konstruktionen, wie der Ringtunnel bei einem konventionellen CT, durch die eingeschränkte Bewegungsfreiheit die Intervention. Auch dass der Patient bei der Akquise im Allgemeinen bewegt wird (Pitch), macht eine Röntgenbildaufnahme für eine bildgestützte Intervention mit einem Katheter nur sehr schwer durchführbar. Darüber hinaus bedeutet das ebenfalls eine hohe Patientendosisbelastung.

Ein C-Bogen-CT hat diverse Schwächen, die wir in Kapitel 3 vorstellen werden. Jedoch können sich die Konsequenzen eines langsam rotierenden bildgebenden Systems nicht nur beispielsweise auf die Patientenbewegung während einer Akquise beziehen. Für eine dynamische C-Bogen-CT stehen wir zusätzlich dem Problem gegenüber, dass sich das Blut während der Perfusion und somit auch innerhalb der Datenakquisition bewegt. Das heißt, dass jedes Winkelinkrement ein anderes zeitliches Signal der Kontrastmittelverteilung beziehungsweise Perfusion beinhaltet als das Vorherige. Ein konventionelles CT schafft mit ~ 1 s pro Umdrehung eine hinreichend hohe Rotationsgeschwindigkeit, dass die Dynamik während einer 360° -Akquisition als lokal konstant angenommen werden kann. Für jeden temporalen Abtastpunkt liegen so genügend viele Projektionen vor, sodass ein entsprechendes Volumen, beispielsweise mit einer gefilterten Rückprojektion, effizient berechnet werden kann. Die daraus resultierenden dreidimensionalen Volumina können dann durch Interpolation der Voxel zu einer vierdimensionalen Rekonstruktion erweitert werden. Der dynamische Schwächungskoeffizient, der in einem einzelnen Voxel durch eine Kurve beschrieben wird, wird in der CT-Forschung engl. *time attenuation curve* (TAC) genannt. Den Rekonstruktionsansatz unter der Annahme der *simultan akquirierten Projektionen* wollen wir in dieser Arbeit *pseudo-statischer Ansatz* (PSt) oder kurz *statische Rekonstruktion* nennen.

Dieser Ansatz ist jedoch bei einem C-Bogen-System mit einer Rotationsgeschwindigkeit von $\sim 3 - 5$ s pro 200° -Kurz-Akquise (Halbkreis-Trajektorie) bei einer Perfusionsdynamik, die ~ 40 s sichtbar gemacht wird, leider eine zu starke Vereinfachung und ermöglicht keine vollständig zuverlässige Diagnostik. Um das zu verdeutlichen, haben wir einige technische Parameter in Tabelle 1.2 aufgeführt. Wir vergleichen dort ein konventionelles CT mit einem offenen C-Bogen-System, das für eine CT eingesetzt wird.

Wir stehen bei der C-Bogen-basierten CT-Perfusionsbildgebung einer Reihe von Problemen gegenüber. Die technische Limitation einer Computertomographie mit einem C-Bogen-Angiographie-Systems liegt in einem begrenzten Winkelbereich, einem niedrigen Dynamikbereich des Detektors, an langen Ausleseraten der akquirierten Daten und schließlich langsamen Rotationsgeschwindigkeiten.

Einführung in die modellbasierte Perfusionsbildgebung

In dieser Arbeit stehen die letzten zwei Punkte im Mittelpunkt, da diese die zeitliche Abtastung der Perfusion massiv einschränken. Denn die Rotationszeiten inklusive der Lücke (engl. auch *gap* genannt) verursachen bei einer Perfusionsdauer von ~ 40 s, dass Perfusionsakquisitionsprotokolle mit einem C-Bogen-System insgesamt mit $\sim 4 - 5$ s pro Rotation maximal 10 Abtastpunkten liefern können. Solche Protokolle beinhalten zur Zeit zwischen 8 bis 10 Kurz-Akquisen mit jeweils $\sim 166 - 248$ dynamischen Projektionen pro Rotation, wobei im Allgemeinen zwei Akquisitionen für eine Maske noch hinzukommen.

Bemerkung Neben den genannten Problemen, die zu einer zeitlich unterabgetasteten Rekonstruktion führen, wollen wir an dieser Stelle noch anmerken, dass mit der Anzahl an Projektionen die potenzielle Patientendosisbelastung proportional wächst. Mit jeder weiteren Projektion beziehungsweise Rotation stellt ein multiples Akquisitionsprotokoll eine hohe Belastung des Patienten dar, welche mit der akuten Brisanz des Schlaganfalls gerechtfertigt wird. Nichtsdestotrotz bleibt C-Bogen-basierte CT-Perfusionsbildgebung äußerst schlecht gestellt, da sich während jeder Kurz-Akquise das Objekt zeitlich verändert. \square

In dieser Arbeit führen wir den Ansatz einer modellbasierten Rekonstruktionstechnik von Neukirchen und Rose [NR05] fort. Ziel wird es dabei sein, der temporalen Unterabtastung entgegenzuwirken, indem wir Vorwissen in die Rekonstruktion integrieren. Dazu greifen wir auf ein Modell zu, dass für jeden Voxel μ_j mit $j = 1, \dots, M$ die TAC durch eine lineare Superposition K vorgegebener Basisfunktionen $\{f_{k'}^P\}_{k'=1, \dots, K'}$ mit $f_{k'}^P : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ beschreibt. So überträgt sich das dynamische Rekonstruktionsproblem auf die Berechnung der statischen Gewichte $w'_{k',j} \in \mathbb{R}$, welche für alle $j = 1, \dots, M$ die Linearkombination

$$\mu_j(t) \approx \sum_{k'=1}^{K'} w'_{k',j} \cdot f_{k'}^P(t) \quad (1.1)$$

zusammen mit den Basisfunktionen bilden. Unter diesem Gesichtspunkt besteht die Herausforderung darin, eine adäquate Funktionsbasis (kurz Basis) mit möglichst wenigen Elementen zu finden, da das modellbasierte System proportional zur Anzahl an Basisfunktionen wächst. Dieser Ansatz wird im Artikel von Neukirchen et al. [NGW10] lineares Raum-Zeit-Separationsmodell (engl. *linear spatiotemporal decomposition model*) gezeigt und geht auf die Publikation von Neukirchen und Rose [NR05] zurück. Darüber hinaus entstand aus diesem Modell die Patentschrift von Weese und Rose [WR05].

- Neukirchen et al. [NGW10] und Serowy et al. [SSR08] stellten in ihren Artikeln modellbasierte Perfusionsrekonstruktionstechniken (MBPR) vor, die diese Gewichtungskoeffizienten iterativ bestimmen. Insbesondere wurde in beiden Artikeln eine komprimierte Basis erzeugt, die unter Anwendung der Hauptkomponentenanalyse (PCA, engl. *principal component analysis*) berechnet wurde. Für diesen Algorithmus wurde die Singulärwertzerlegung (SVD[Str88]) eingesetzt, sodass die orthogonale Basis statistisch das für die Rekonstruktion relevante *a priori* Wissen enthält. Es handelt sich daher um eine Regularisierung, die auf zusätzliche vorher festgelegte Datensätze zugreift.
- Das Perfusion-System, das wir mit Gleichung (4.5) noch vorstellen werden, ist im Vergleich zu einer statischen 3D-C-Bogen-CT-Rekonstruktionsaufgabe noch wesentlich schlechter konditioniert und höher dimensional. Ein modellbasiertes iteratives Verfahren erhöht zwar nochmal die Systemgröße um ein Vielfaches, verspricht jedoch eine hohe Genauigkeit für diese kontrastarme und unterabgetastete CT-Bildgebung. Es hat aber aufgrund der hohen Rechenkomplexität den Sprung in die technische Anwendung geschafft. Daher erweiterte Neukirchen [Neu11] diesen MBPR-Ansatz durch die Integration von sogenannten



Abbildung 1.1.: Siemens Nexaris Therapy Suites (Quelle: *Siemens Healthineers* [10]):

Wir sehen hier das Hybrid-System von Siemens mit dem Namen *Nexaris Therapy Suites* (Stand 2019), das CT-, Angiographie- und Ultraschallsystem in unmittelbarer Nähe vereint. Unter anderem besteht das CT aus einer mobilen Gantry, die über ein Schienensystem seine Position verändern kann.

Interpolationskernen. So können zwar analytische Rekonstruktionsverfahren für die MBPR verwendet werden, die Anzahl der Rekonstruktionsprobleme ist jedoch gleich der Zahl der zu rekonstruierenden zeitlichen Abtastpunkte. Die Rechenkomplexität ist hier demnach ebenfalls zu hoch.

- Ein weiterer Ansatz für eine MBPR findet sich im Artikel von Manhart et al. [MKDZ⁺13]. Hier wird der pseudo-statische Ansatz für eine initiale Schätzung der Gewichte verwendet. Anschließend wird mit einer Polynom-basierten MBPR und mit Nachbearbeitungsprozessen (*joint bilateral filtering*) die dynamische Perfusionsbildgebung verwirklicht. Es ist hier zwar möglich die Anzahl an Gewichten mit einem linearen Ansatz auf zwei zu reduzieren, jedoch führt dieser Algorithmus ebenfalls auf ein iteratives Schema. Bis auf den MBPR-basierten Nachbearbeitungsschritt bildet der dort beschriebene Algorithmus die Grundlage des Prototypen, der im C-Bogen-System von Siemens Healthineers bereit gestellt wird.

- Eine weitere MBPR ist ein nichtlinearer Ansatz von Wagner et al. [WDZM⁺13]. Unter der Verwendung einer Basisfunktion, zum Beispiel basierend auf einer Gamma-variierten Funktion

$$\begin{aligned} \gamma(\beta, \eta; t) &:= \frac{1}{2} (h(\beta, \eta; t) + |h(\beta, \eta; t)|), \\ h(\beta, \eta; t) &:= \frac{\eta^\beta}{\Gamma(\eta)} \cdot t^{\beta-1} \exp(-\beta \cdot t), \end{aligned} \tag{1.2}$$

wird über die Berechnung der Parametern $\beta, \eta > 0$ jede TAC $\mu_j(t) \approx g(\beta_j, \eta_j; t)$ approximiert, wobei hier $\Gamma(\eta)$ die Eulersche Gammafunktion definiert. Auch hier führt diese MBPR auf ein iteratives Schema und das CT-Problem wird durch den nichtlinearen Ansatz in der Komplexität verstärkt.

- Eine technische Lösung, jedoch finanziell kostenintensiv, bieten bildgebende Hybrid-Systeme, wie das *Siemens Healthineers Nexaris Therapy Suites*, dargestellt in Abbildung 1.1. Es handelt sich um ein *multimodales* System, das den zeitintensiven Patiententransport

durch ein CT direkt im OP und neben einem Angiographie-System verhindert.

- Schließlich wollen wir noch den Algorithmus von Cheng und Li [CL] (SMART, engl. *synchronized multiartifact reduction with tomographic reconstruction*) ohne modellbasierten Ansatz erwähnen, der potentiell für die C-Bogen-basierte Perfusionsbildgebung ohne Modell-Ansatz in Frage kommt. Die Grundidee bei dieser Methode besteht darin, jede einzelne Rotation einer Kurz-Akquise in weitere kleinere Kurz-Akquisen aufzuteilen. Damit werden die temporalen Abtastpunkte vervielfacht und es wird der zeitlichen Unterabtastung entgegengewirkt. Die Artefakte, die durch die massive spatiale Unterabtastung entstehen, werden dabei durch den Vergleich mit einer PSt-basierter Rekonstruktion iterativ regularisiert. Die Integration eines entsprechenden Prototypen in ein C-Bogen-System zur Bereitstellung einer vollständigen C-Bogen-Bildgebung ist aber bislang unbekannt.

Bemerkung Die Gamma-varianten Funktionen (1.2) gelten nach Madsen [Mad92] noch als Goldstandard für adäquate Basisfunktionen bezüglich der MBPR. \square

Der Fokus in dieser Arbeit liegt auf dem modellbasierten Ansatz, der auf Neukirchen und Rose [NR05] zurückgeht, um Vorwissen in das Rekonstruktionsproblem zu integrieren und damit der temporalen Unterabtastung entgegenzuwirken. Wir bauen daher in dieser Arbeit auf den Erkenntnisstand aus dem Artikel von Neukirchen et al. [NGW10] und Neukirchen [Neu11] auf. Demnach bestand die Schwierigkeit darin, die Rechengeschwindigkeit bei der CT-Rekonstruktion auf ein realistisches Maß zu beschleunigen, da der vorliegende Modellansatz das ohnehin schon hochdimensionale dynamische Rekonstruktionsproblem nochmals vergrößert. Zudem bedingte dieses Modell den Rückgriff auf die rechenzeitaufwendigen iterativen Verfahren, sodass mein Fokus für lange Zeit auf der Optimierung dieser Methoden lag, die in den Artikeln wie Bannasch et al. [BFWR14] oder Bannasch et al. [BPWR15] publiziert wurden. Die Rechenbeschleunigung der algebraischen Rekonstruktionstechniken erfolgte durch eine geeignete Wahl des Relaxationsparameters. Diese iterativen Verfahren gehen auf das klassische Kaczmarz-Verfahren (2.55) zurück, das wir hier in einer verallgemeinerten Formulierung diskutieren werden.

Weiter zeigen wir, dass eine dynamische Steuerung des Relaxationsparameters eine optimale Integration von Regularisierungsmethoden bewirkt, die beispielsweise in Bannasch et al. [BFB⁺15] publiziert wurde. Ein nicht-lineares regularisiertes CT-Ausgleichsproblem kann danach ebenfalls mit einem modifizierten Landweber-Kaczmarz-Verfahren gelöst werden, indem man einen Aktualisierungsschritt als Newton-Schritt interpretiert. Neben der beschleunigten Konvergenz erhalten wir so ein Verfahren, das mit einem Bruchteil an Daten noch adäquate Rekonstruktionen generieren kann.

Eine weitere Regularisierung, die in Bannasch et al. [BFPR14] präsentiert wurde, ist die Interpretation des Landweber-Kaczmarz-Verfahrens als Euler-Verfahren. Das heißt, dass angenommen wird, dass das Landweber-Kaczmarz-Verfahren als Euler-Verfahren retrospektiv dazu genutzt wurde, um ein System gewöhnlicher Differentialgleichungen numerisch zu lösen. Diese Sichtweise eröffnet die Möglichkeit verschiedene bekannte Verfahren aus der Numerik gewöhnlicher Differentialgleichungen dahingehend zu nutzen, um sogenannte diskrete Zeitfluss-Verfahren für die CT-Rekonstruktion herzuleiten. Diese stellen, wie wir sehen werden, ebenfalls eine Regularisierung dar, die auch mit kleineren Datenmengen stabile Rekonstruktionen liefert.

Auch wenn der iterative Ansatz von Neukirchen et al. [NGW10], wie in Bannasch et al. [BWR15] und Bannasch et al. [BWR16], weiter ausgebaut und optimiert werden konnte, waren die Rechenzeiten für eine Realisierung des One-Stop-Shop noch ungenügend. Daher wurde ein alternativer effizienterer Ansatz für die modellbasierte Perfusions-Rekonstruktion entwickelt, der das Potenzial besitzt die Rechenzeiten für eine dynamische Perfusionsbildgebung deutlich zu vermindern. Daher wird in dieser Arbeit ein neuartiger Ansatz für modellbasierte Perfusions-Rekonstruktion als zentrales Thema demonstriert, den wir als Zeit-

separationstechnik (TST, engl. *time separation technique*) bezeichnen wollen.

Für die TST verwenden wir für die Vorwissensintegration einen Basissatz, der aus analytischen und insbesondere orthonormalen Funktionen besteht und damit, wie schon in Serowy et al. [SSR08], eine Orthonormalbasis (ONB) bildet. Des Weiteren übertragen wir den Ansatz (1.1) vom Volumen-, beziehungsweise Voxelraum, in den Projektionsraum, sodass wir aufgrund der Orthonormalität durch die Berechnung eines Tensorproduktes eine Entkopplung der räumlichen Komponenten von der Zeit bewirken.

Das Ergebnis ist eine mathematische Formel zur Berechnung der Gewichtungskoeffizienten, die wiederum die Superposition der Basisfunktionen liefern. Insbesondere bewirkt diese Zerlegung, dass sich das hochdimensionale, zeitabhängige und modellbasierten Perfusion-Rekonstruktion-Problem nun durch statische Rekonstruktion lösen lässt. Diese statischen CT-Probleme können unabhängig voneinander und damit parallel berechnet werden. Dabei entspricht eines der Rekonstruktionsprobleme der Komplexität eines CT-Systems einer einzelnen Kurz-Akquise. Die TST wurde im Artikel von Bannasch et al. [BFP⁺18] anhand einer Simulationsstudie auf die prinzipielle Durchführbarkeit untersucht sowie mit der Patentschrift von Bannasch et al. [BFR18] weiter veröffentlicht.

Da es in der Medizintechnik ein langer Weg von der Grundidee bis hin zur praktischen Anwendung ist, ergaben sich weitergehende Forschungsergebnisse. Diese sind beispielsweise eine potentielle Reduktion der Patientendosisbelastung, siehe Bannasch et al. [BWR17a] oder Bannasch et al. [BEF⁺18] sowie eine modellbasierte Berechnung der sogenannten Perfusionparameter, die zur Schlaganfalldiagnostik eingesetzt werden, siehe Bannasch et al. [BWR17b].

Wie wir gesehen haben, stellt die Computertomographie an sich ein komplexes sowie interessantes Themengebiet dar. Das beginnt bei der mathematischen Modellierung der physikalischen Prozesse und geht über die grundlegenden Rekonstruktionstheorien bis hin zur technischen Realisierung. Es finden sich hier also eine Reihe von analytischen sowie heuristischen Angriffspunkten, die wir demnach aufführen und diskutieren wollen. Insbesondere wollen wir in dieser Arbeit die mathematische Rekonstruktionstheorie analytisch aufarbeiten, die die Grundlage der modernen CT-Bildgebung bildet.

Daher ist der Aufbau dieser Arbeit im Wesentlichen in drei Themenbereiche aufgeteilt:

- In Kapitel 2 analysieren wir die Rekonstruktionstheorie, die aus der mathematischen Modellierung des CT-Systems besteht, was wiederum als ein sogenanntes *schlecht gestelltes Problem* klassifiziert wird. Insbesondere wird hier die Problematik der Inversion des CT-Modells erklärt, indem mathematisch die grundlegenden Rekonstruktionstechniken hergeleitet und diskutiert werden. Ein besonderer Fokus liegt dabei auf einer verallgemeinerten Formulierung des Kaczmarz-Verfahrens, die unter anderem auf Konvergenz untersucht wird. Eine Anwendung der Verfahren findet sich in der Berechnung von dreidimensionalen CT-Bildern aus einer Vielzahl von eindimensionalen Projektionen wieder.
- In Kapitel 3 wird die Rekonstruktion von inkonsistenten CT-Problemen diskutiert. Hier stehen insbesondere die Computertomographie mit CT-Systemen mit Flachdetektoren im Fokus, welche eine höhere Anfälligkeit, Messfehler und größere technische Limitationen besitzen als die konventionellen CTs. Der Schwerpunkt wird in diesem Kapitel auf die iterativen Verfahren und verschiedenen Regularisierungs-Methoden gesetzt. Sie basieren dabei auf heuristischen Annahmen und werden eingesetzt, um die Bild-Genauigkeit bei einer limitierten Anzahl inkonsistenter CT-Daten zu steigern. Anwendungen finden diese Verfahren bei C-Bogen-CT-Systemen, die im Allgemeinen mit einem Flachdetektor eingesetzt werden. Anwendungen der Verfahren finden sich im sogenannten Kegelstrahlen-CT wieder, bei denen dreidimensionale CT-Bilder aus einer Vielzahl von zweidimensionalen Projektionen rekonstruiert werden.
- In Kapitel 4 wird das Kernthema dieser Arbeit, die modellbasierte CT-Perfusionbildgebung präsentiert und diskutiert. Im Mittelpunkt steht hier die langsame Akquisitionsdauer, die ein C-Bogen-System benötigt. Denn diese verhindert, dass eine vollwertige Perfusionsmes-

sung mit einem C-Bogen-System wie mit einem konventionellen CT möglich ist. Trotz einer Vielzahl an Verfahren, die sehr genaue Rekonstruktionen liefern können, basieren die in den Systemen integrierten Verfahren auf dem pseudo-statischen Ansatz. Motiviert wird dies durch die Rechenzeit, die bei einer Schlaganfallerkrankung der Bildqualität vorgezogen wird. Die Zeitseparationstechnik stellt hier eine neue Alternative dar, die die CT-Bildgenauigkeit mit einer modellbasierten Perfusion-Rekonstruktion (MBPR) steigert und zudem in der Lage ist die Rechenzeiten durch eine Reduktion der Rechenkomplexität zu verkürzen. Die Anwendung der TST ist demnach die dynamische Computertomographie, bei der dreidimensionale CT-Bilder (hier in Form der sogenannten Perfusionskarten) aus einer Vielzahl von in der Zeit aufgelösten Projektionen berechnet werden können.

2. Rekonstruktionstheorie der Computertomographie

2.1. Einführung in die Computertomographie

Die Computertomographie (CT) ist ein auf Röntgenstrahlen basierendes, bildgebendes Verfahren, welches in der medizinischen Diagnostik weit verbreitet genutzt wird. Es liefert in der Regel dreidimensionale (3D), tomographische Bilder, die üblicherweise über eine Serie von 2D Schichtbildern in axialer Reihenfolge visualisiert werden. Abgesehen von klinischen Anwendungen finden sich CT-Systeme ebenfalls in der Industrie wieder und werden in der zerstörungsfreien (Material-) Prüfung (ZfP) eingesetzt.

Ein Standard-CT-Scanner in der medizinischen Bildgebung besitzt meistens die Konstruktion eines Ringtunnels, auch Gantry genannt, mit einem mobilen Patiententisch im Zentrum. Die Gantry ist hier¹ ein zylindrisches Ensemble aus Röntgenröhre als Strahlenquelle und gegenüberliegendem Detektor. Während der kreisförmigen Rotation von Quelle und Detektor um den Patienten werden eine Vielzahl an Röntgenbildern aus verschiedenen Blickwinkeln akquiriert. Aus einem solchen Datensatz kann man mit speziellen Algorithmen 3D CT-Bilder rekonstruieren. Man spricht in diesem Zusammenhang auch von CT-Rekonstruktionstechniken.

Dieser Abschnitt beschäftigt sich mit der mathematischen Modellierung der grundlegenden physikalischen Prozesse einer Computertomographie und basiert inhaltlich auf den Büchern von Buzug [Buz08], Natterer [Nat01] und Natterer und Wübbeling [NW01]. Weiter werden die angegebene Sekundärliteratur verwendet, die inhaltlich jedoch mit den genannten Büchern im Wesentlichen übereinstimmen.

Das Lambert-Beer'sche Gesetz

Ein Röntgenbild eines inhomogenen Objekts beinhaltet eine Überlagerung von mehreren objekt-abhängigen Informationen. Das liegt hauptsächlich daran, dass unterschiedliche Gewebe- oder Materialarten mit verschiedenen Schwächungseigenschaften oder Schichtdicken von einem (Röntgen-) Strahl hintereinander durchleuchtet werden. Die Intensität \mathcal{I} des Strahls, die vom Detektor auf der gegenüberliegenden Seite der Röntgenquelle gemessen wird, stellt demnach eine kumulierte Schwächung der Eingangsintensität \mathcal{I}_0 dar, die durch die inhomogenen Objekteigenschaften² entlang des Strahls bewirkt wurde. Daher nennt man die Bildelemente (Pixel, vom engl. picture element) beziehungsweise die entsprechenden Werte auch 1D Projektionen. Sie liefern überlagerte Informationen über das Innere eines 3D Objekts. Röntgenbilder sind daher für leichtere Verletzungen wie eine Fraktur des Ober- oder Unterarms ein ausreichendes Hilfsmittel zur Diagnose. Der Knochen hat im Verhältnis zum Weichgewebe einen hohen Schwächungskoeffizienten³ und besitzt einen hohen Anteil des Grauwerts, der in einem Röntgenbild angezeigt wird. Bei einer Fraktur des Ober- oder Unterarms ist die Überlagerung mit dem umliegenden Gewebe für eine medizinische Diagnostik vernachlässigbar. Für schwerere Frakturen oder komplexere Krankheiten wie ein Schlaganfall reicht ein Röntgenbild jedoch nicht aus, und es muss auf ein 3D bildgebendes Verfahren wie eine CT zurückgegriffen werden.

Bevor wir uns jedoch mit der 3D CT-Bildgebung beschäftigen, widmen wir uns vorerst mit der mathematischen Modellierung der Schwächung eines Strahls.

Wir werden in dieser Arbeit einen linearen Schwächungskoeffizienten $\mu(x)$ an der Stelle x längs eines Strahls voraussetzen. Das bedeutet, dass der Strahl eine konstante Wellenlänge⁴

¹Bei den Spezialfällen, wie bei einer sogenannten Computerlaminographie kann der Aufbau abweichen.

²Dazu gehören beispielsweise Material- oder Gewebedichte, Kernladungszahlen wie auch die lokalen Schichtdicken.

³Der Schwächungskoeffizient gibt den Grad der Schwächungseigenschaft des Materials oder Gewebes an.

⁴Man spricht hier von einem monochromatischen Strahl.

besitzt. Dieser Ansatz führt uns zu der gewöhnlichen linearen Differentialgleichung erster Ordnung

$$\frac{d\mathcal{I}(x)}{dx} = -\mu(x)\mathcal{I}(x), \quad (2.1)$$

die den physikalischen Hintergrund der wegabhängigen Intensitätsschwächung vereinfacht erklärt.

Bemerkung Es sei $E \in [0, E_{\max}]$, dann lässt sich die Intensitätsschwächung beispielsweise mit

$$\mathcal{I}(x) = \int_0^{E_{\max}} i_0(E) \exp\left(\int_0^x \mu(E, s) ds\right) dE \quad (2.2)$$

beschreiben, wobei $i_0(E)$ die initiale, energieabhängige Intensitätsdichte ist. Dieser Ansatz würde berücksichtigen, dass Röntgenstrahlung einer Röntgenquelle elektromagnetische Strahlung mit unterschiedlichen Wellenlängen aussendet und diese auch unterschiedlich vom Material geschwächt wird.

Die Gleichung (2.2) modelliert die Schwächung und die Wechselwirkung, wie beispielsweise den Photoeffekt mit Materie, bei der die Photonenenergie nicht von der Amplitude, sondern von der Frequenz und damit vom Röntgenspektrum abhängt. Das Resultat wäre ein physikalisch exakteres, aber weitaus komplexeres Modell. Für die praktische Anwendung stellt daher die Gesetzmäßigkeit aus Gleichung (2.1) den verbreiteten Ansatz dar und wird auch von uns als mathematisches CT-Basis-Modell für die Rekonstruktionsalgorithmik verwendet.

In Arbeiten wie von Elbakri und Fessler [EF03] oder Bismark et al. [BFR16] werden sogenannte polychromatische Rekonstruktionstechniken diskutiert, die auf der Modellierung aus Gleichung (2.2) basieren. \square

Beispiel Stellen wir uns vor, dass ein Stab mit konstantem Schwächungskoeffizienten $\mu(x) \equiv \mu$ und der Länge von 1mm von einem Röntgenstrahl axial durchleuchtet wird. In Abhängigkeit von der Wegstrecke $x_0 < \Delta x \leq 1$, die der Strahl im homogenen Material zurücklegt, kann Schwächung der Intensität $\mathcal{I}(x_0)$ durch

$$\mathcal{I}(x_0 + \Delta x) = \mathcal{I}(x_0) - \mathcal{I}(x_0)\mu\Delta x$$

beschrieben werden. In lokaler $\lim_{\Delta x \rightarrow 0}$ Betrachtung ergibt

$$\frac{\mathcal{I}(x_0 + \Delta x) - \mathcal{I}(x_0)}{\Delta x} = -\mu\mathcal{I}(x_0),$$

dann wiederum Gleichung (2.1). Wir halten hier des Weiteren fest, dass die Einheit $\left[\frac{1}{\text{mm}}\right]$ dem Schwächungskoeffizient μ zugeordnet wird. \square

Definiert man die Eingangsintensität $\mathcal{I}(x_0 = 0) := \mathcal{I}_0$ als Anfangswert, dann führt der Separationsansatz zur Lösung des zugrundeliegenden Anfangswertproblems. Dies ist auch als *Lambert-Beer'sche Gesetz* bekannt.

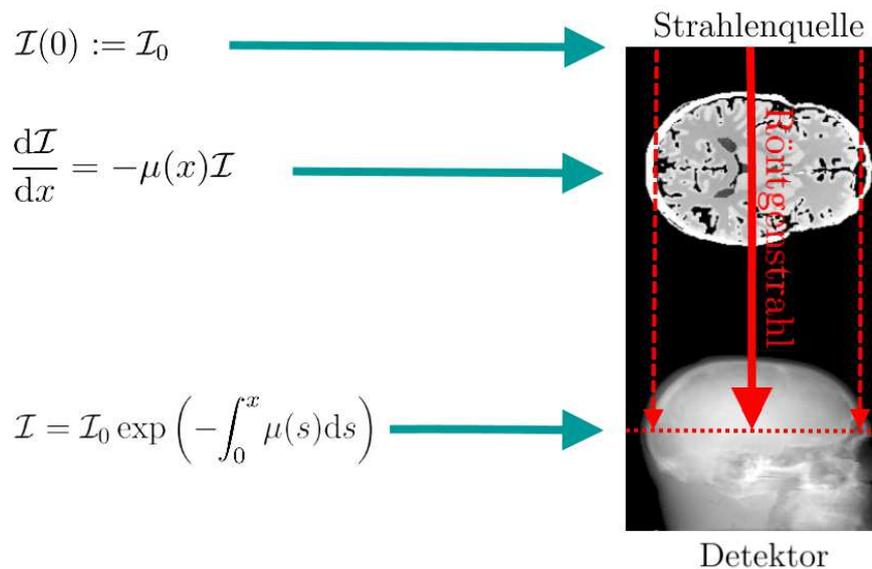


Abbildung 2.1.: Illustration des Lambert-Beer'schen Gesetzes

Die Strahlenquelle generiert Röntgenstrahlen mit der Intensität I_0 . Bei der Durchleuchtung des Objekts, wie beispielsweise eine zentrale Schicht eines menschlichen Kopfes beziehungsweise Gehirns, wird die Intensität I geschwächt. Diese kann, nachdem der Strahl das Objekt durchdrungen hat, mit einem Detektor gemessen werden. In dieser Abbildung entspricht die durchleuchtete 2D Schicht einer Zeile des 2D Röntgenbilds.

Modell 2.1.1: Lambert-Beer'sche Gesetz für lineare Schwächung

Es sei die Eingangintensität \mathcal{I}_0 eines Röntgenstrahls gegeben und es bezeichne $\mu : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ den linearen Schwächungskoeffizienten eines röntgenstrahldurchlässigen Objektes. Dann kann die geschwächte Intensität \mathcal{I} durch das Integral

$$\mathcal{I} = \mathcal{I}_0 \exp\left(-\int_0^x \mu(s) ds\right) \quad (2.3)$$

erklärt werden.

Die aus einer Perspektive gemessenen Intensitäten können direkt in Grauwerte umgerechnet und in einem klassischen 2D Röntgenbild dargestellt werden. Die Gleichung (2.3) ist hierbei eine Äquivalenzumformung der Integralgleichung

$$\ln\left(\frac{\mathcal{I}_0}{\mathcal{I}}\right) = \int_0^x \mu(s) ds, \quad (2.4)$$

wobei die rechte Seite eine Kurvenintegral entlang eines Strahls und demnach ein Linienintegral ist. Die linke Seite von Gleichung (2.4) ist eine logarithmische Normalisierung der gemessenen Intensität \mathcal{I} und wird Extinktion genannt.

Die Aufgabe besteht daher darin, aus der Extinktion entlang der Strahlentrajektorie auf den zugrundeliegenden Schwächungskoeffizienten zurückzuschließen.

Aus mathematischer Sicht bezeichnet man das CT-Rekonstruktionsproblem als inverses Problem und ist, wie wir noch sehen werden, schlecht gestellt. Daher gehen wir vorerst der folgenden Grundsatzfrage nach: *Können wir ein 3D tomographisches Bild rekonstruieren, wenn wir hinreichend viele verschiedene Extinktionen vorliegen haben?*

Bevor wir uns jedoch mit der zu Beginn sehr analytischen Rekonstruktionstheorie beschäftigen, wollen wir uns einer heuristischen Einleitung zur Motivation widmen.

Bemerkung CT-Bilder werden für die medizinische Diagnostik üblicherweise in CT-Zahlen beziehungsweise der Hounsfield-Skala, dargestellt, die auf Godfrey Hounsfield zurückgehen. Hierfür wird der Hounsfield-Wert von Wasser unter einer vorher festgelegten Energie mit dem Schwächungskoeffizient μ_{H_2O} auf Null gesetzt und das tomographische Bild in Graustufen visualisiert. Die Umrechnungsvorschrift lautet

$$\text{CT-Zahl}(\mu) := \frac{\mu - \mu_{H_2O}}{\mu_{H_2O}} \cdot 1000 \quad (2.5)$$

und ist dimensionslos. Zu Ehren von Hounsfield wird dennoch die CT-Zahl in Hounsfield-Einheiten [CT-Zahl]=HU von (engl.) *Hounsfield units* angegeben. Auf dieser Skala wird Luft beispielsweise einem Wert von -1000HU zugeordnet, Wasser entspricht per Definition 0HU . Diese Arbeit ist im Wesentlichen eine Simulationsstudie, weshalb wir hier die CT-Bilder bis auf einige Ausnahmen nicht in HU darstellen. Das heißt, dass die dargestellten Grauwerte, wenn nicht anders angegeben, der Skala des Eingangsphantoms entsprechen. \square

Eine Einführung in die Parametrisierung von Röntgenstrahlen

Ein Röntgenbild oder auch Radiographie kann grob als eine Projektion eines 3D Objektes auf ein 2D Profilbild wie in Abbildung 2.1 interpretiert werden. Zunächst nehmen wir an, dass ein CT-System mit lediglich einem Einzeildetektor zur Verfügung steht, um den Abstraktionsgrad zu reduzieren. Das heißt, dass während einer CT-Aufnahme 2D Schichten auf verschiedene 1D Profile projiziert werden. Durch eine axiale Verschiebung des Tisches oder der Gantry, auch (engl.) Pitch genannt, wird dann beispielsweise der Patient schichtweise durchleuchtet, sodass das 3D Zielobjekt wieder durch 2D Profile abgetastet wird. Darüber hinaus nehmen wir hier ohne Beschränkung der Allgemeinheit Parallelstrahlengeometrie an, die aus Fächerstrahlengeometrie, wie in Abbildung 2.2 erklärt, gewonnen werden kann. Wir beschreiben die Parallelstrahlen durch einen festen Blickwinkel $\alpha \in [0, 2\pi)$ bezüglich einer vorgegebenen Referenzrichtung, die Koordinate $s \in \mathbb{R}$ entlang eines Referenzstrahls wie den prinzipalen Strahl⁵ und die dazu orthogonale Koordinate $r \in \mathbb{R}$.

Für jeden Blickwinkel α vom Patienten zur Quelle⁶ treffen daher alle Strahlen γ_α^r nicht nur orthogonal auf den Detektor, sondern sind ebenfalls parallel zum prinzipalen Strahl $\gamma_\alpha^{\text{iso}}$.

Folglich finden wir unter einem festen Blickwinkel α den Einheitsvektor

$$\mathbf{n}_\alpha^\gamma = (-\sin(\alpha), \cos(\alpha))^T, \quad (2.6)$$

der parallel zu allen Strahlen γ_α^r und orthogonal zum Detektor ist, sowie das zugehörige orthogonale Pendant

$$\mathbf{n}_\alpha^\perp = (\cos(\alpha), \sin(\alpha))^T \quad (2.7)$$

parallel zum Detektor. Nehmen wir demnach an, dass jedem festen Tupel (r, α) eine ein-

⁵Der prinzipale oder zentrale Strahl ist der Strahl, der das Isocenter durchleuchtet. In Abbildung 2.2 wird der prinzipale Strahl in Grün dargestellt.

⁶Dieser Blickwinkel entspricht auch der Sicht vom Patienten zum Detektor.

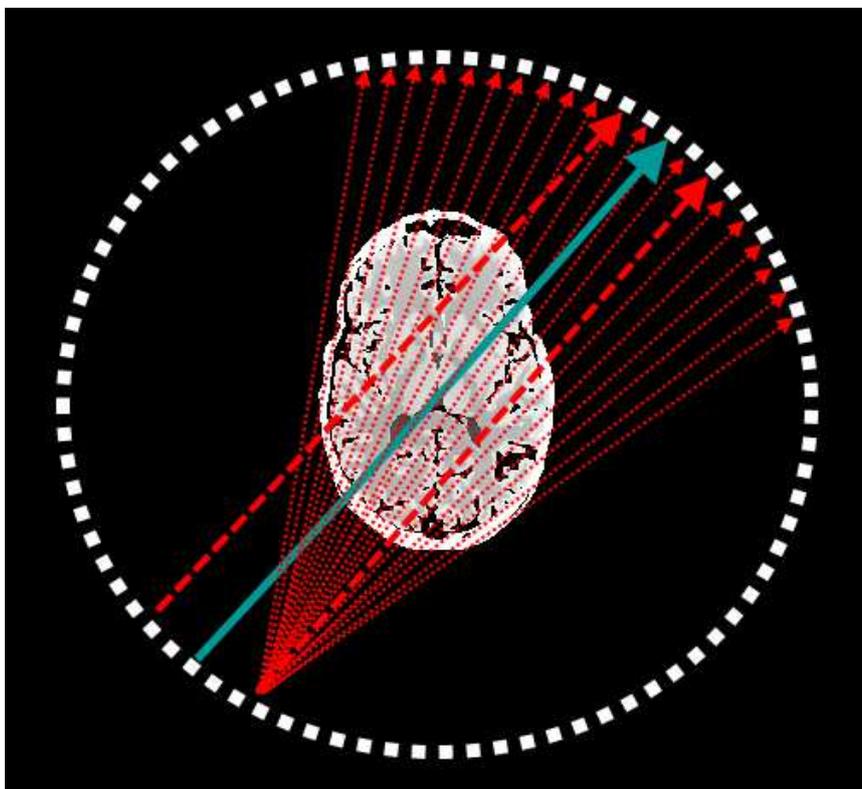


Abbildung 2.2.: Fächerstrahlengeometrie

In dieser Abbildung deutet jeder dicke Strahl die Position des Kollimators an. An allen drei Positionen tritt Strahlung aus, die in der Röntgenquelle generiert wurde. Die Strahlen werden in unserem Fall mit Fächerstrahlen kollimiert, was in der untersten Position mit dem dünnen Strahl angedeutet wird. Die Fächerstrahlen durchleuchten also das Gehirn aus verschiedenen Winkeln und werden auf der anderen Seite von mehreren Detektorelementen erfasst.

Die Messdaten mit Fächerstrahlengeometrie werden dann zu Projektionen mit Parallelstrahlengeometrie umsortiert, was man auch unter dem Begriff *Re-Binning* kennt. Damit ist gemeint, dass aus den vorliegenden Messdaten diejenigen mit Parallelstrahlengeometrie zusammengefasst werden, wie es von den dicken Strahlen angedeutet wird. Wir wollen diese explizite Umsortierung von Fächer- zu Parallelstrahlen *Strahlen-Permutation* nennen.

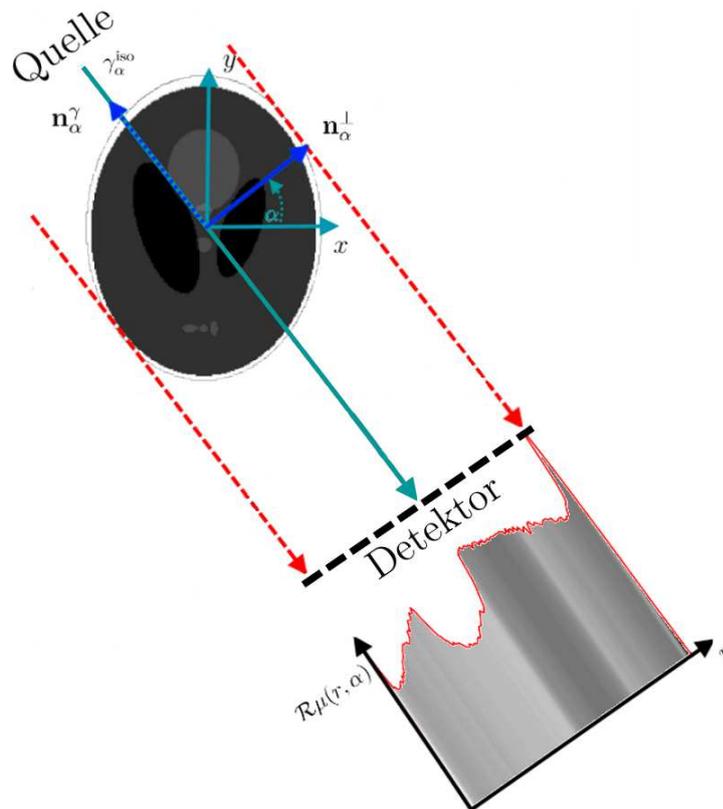


Abbildung 2.3.: Parameterisierung von Röntgenstrahlen:

Die Parallelstrahlgeometrie, welche auch (engl.) *pencil beam geometry*, also Bleistiftstrahlgeometrie, genannt wird, liefert eine beliebige Anzahl von einzelnen Projektionen aus dem gleichen Blickwinkel α . Jeder Strahl, wie der prinzipale Strahl, kann demnach durch eine Distribution der zugehörigen Einheitsvektoren \mathbf{n}_α^γ und \mathbf{n}_α^\perp beschrieben werden. Die dazugehörigen einzelnen Projektionen werden als 1D Funktion $\mathcal{R}\mu(r, \alpha)$ dargestellt und können ebenfalls in Grauwerte übersetzt werden.

zelne Projektion zugeordnet werden kann, dann finden wir einen eindeutigen Strahl γ_α^r wie in Abbildung 2.3 orthogonal zur Detektorzeile, der durch

$$\begin{aligned} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} = \mathbf{x} = \gamma_\alpha^r &:= r \cdot \mathbf{n}_\alpha^\perp + s \cdot \mathbf{n}_\alpha^\gamma \\ &= r \cdot \begin{pmatrix} \cos(\alpha) \\ \sin(\alpha) \end{pmatrix} + s \cdot \begin{pmatrix} -\sin(\alpha) \\ \cos(\alpha) \end{pmatrix} \end{aligned} \quad (2.8)$$

mit $r, s \in \mathbb{R}$ parametrisiert werden kann. Das Längenelement ergibt sich durch

$$\left\| \frac{d}{ds} \gamma_\alpha^r(s) \right\|_2 ds = \sqrt{\left(\frac{dx}{ds} \right)^2 + \left(\frac{dy}{ds} \right)^2} ds = \|\mathbf{n}_\alpha^\gamma\|_2 ds =: d\sigma(x, y).$$

Jede Extinktion, wie in Gleichung (2.4), die von einem einzelnen Detektorelement unter einem festen Blickwinkel α gemessen wurde, lässt sich (erst mal) informell als Linienintegral entlang des Strahls γ_α^r

$$\ln \left(\frac{\mathcal{I}_0}{\mathcal{I}_{r,\alpha}} \right) = \int_{\mathbb{R}} \mu(\gamma_\alpha^r) d\sigma \quad (2.9)$$

beschreiben. Wir haben dabei vorausgesetzt, dass der Schwächungskoeffizient μ einen kompakten Träger hat.

Bemerkung Des Weiteren werden wir meistens, wie in der zugrundeliegenden Literatur vorgeschlagen, die Notation $\phi d\mathbf{x}$ (beziehungsweise $\mu d\mathbf{x}$) für $\phi d\sigma$ verwenden. \square

Ein Strahl lässt sich hier auch als orientierte Gerade bezüglich des Arguments s interpretieren. Die parallel verlaufenden Linienintegrale, wie in Gleichung (2.9), bilden jeweils eine eindeutige Extinktion auf das Detektorelement r unter dem festen Winkel α ab und lassen sich dann wiederum als neue Geradenfunktion $\mathcal{R}\mu(r, \alpha)$ entlang einer Detektorzeile zusammenfassen.

2.2. Einführung in die Numerik linearer Ausgleichsprobleme

Wir haben bereits angedeutet, dass die mathematische Modellierung der Computertomographie auf ein *inverses Problem* führt, welches in der Regel *schlecht gestellt* ist, und das Lösen eines linearen Ausgleichsproblem erfordert. Daher werden diese auch (engl.) *ill-posed inverse problem* genannt.

Inverse Probleme

Hier wollen wir nun, bevor die verschiedenen Rekonstruktionstheorien diskutiert werden, erst mal klären was diese Begriffe bedeuten. Wir behalten unsere CT-Notation mit der Variablen $\boldsymbol{\mu} \in \mathbb{R}^M$ sowie der rechten Seite $\boldsymbol{p} \in \mathbb{R}^N$ für ein Gleichungssystem $\boldsymbol{A}\boldsymbol{\mu} = \boldsymbol{p}$ mit der Matrix $\boldsymbol{A} \in \mathbb{R}^{N \times M}$ bei.

Zu Beginn orientieren wir uns am Buch von Rieder [Rie13] und definieren das schlecht gestellte inverse Problem invers.

Definition 2.2.1: Inverses Problem

Es sei die gesuchte Ursache \boldsymbol{M} und \boldsymbol{P} die zugehörige Wirkung als gemessene Daten gegeben. Dann beschreibt die Abbildung

$$\boldsymbol{A} : \boldsymbol{M} \rightarrow \boldsymbol{P}$$

ein mathematisches Modell zur Berechnung der Wirkung aus der Ursache. Die Inversion dieser Modellierung heißt inverses Problem.

Bei der Computertomographie repräsentiert der lineare Schwächungskoeffizient μ die Ursache und die Radon-Transformierten gemessenen Daten beziehungsweise Intensitäten sind die Wirkung. In anderen Worten betrachtet ein Arzt bei einem klassischen Röntgenbild eine Lösung des direkten Problems und bei einem CT-Bild die des inversen.

Entsprechend ist es unser Ziel, aus den zugrundeliegenden Projektionen das CT-Bild zu berechnen.

Definition 2.2.2: Schlecht gestelltes Problem nach Hadamard

Es sei nun das mathematische Modell

$$\boldsymbol{A} : \boldsymbol{M} \rightarrow \boldsymbol{P}$$

eine Abbildung zwischen den Hilbert-Räumen \boldsymbol{M} und \boldsymbol{P} , dann heißt das Problem $(\boldsymbol{A}, \boldsymbol{M}, \boldsymbol{P})$ genau dann gut gestellt (engl. *well-posed*), wenn das Gleichungssystem $\boldsymbol{A}\boldsymbol{\mu} = \boldsymbol{p}$

1. für alle $\boldsymbol{p} \in \boldsymbol{P}$ eine Lösung hat,
2. die Lösung $\boldsymbol{\mu} \in \boldsymbol{M}$ eindeutig bestimmt ist,
3. eine stetige inverse Abbildung $\boldsymbol{A}^{-1} : \boldsymbol{P} \rightarrow \boldsymbol{M}$ existiert.

Ist nur eine dieser Bedingung verletzt, ist das Problem $(\boldsymbol{A}, \boldsymbol{M}, \boldsymbol{P})$ als schlecht gestellt definiert.

Wie wir später noch im Kapitel 2.4 sehen werden, stehen wir bei einer CT einem hochdimensionalen Gleichungssystem gegenüber, welches schlecht gestellt ist.

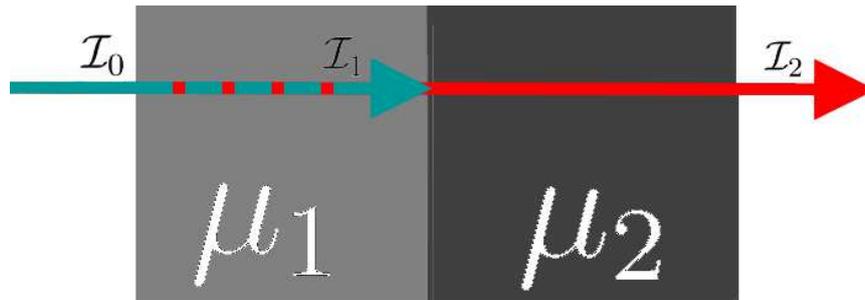


Abbildung 2.4.: Röntgenstrahl entlang eines Stabs aus bivariatem Material:

Betrachten wir die Schwächung eines einzelnen monochromatischen Röntgenstrahls, der einen Stab aus bivariatem Material durchleuchtet. Die 1mm lange linke Hälfte des Stabs bestehe aus dem Material mit dem Schwächungskoeffizienten μ_1 . Die ebenfalls 1mm lange rechte Hälfte besitze eine Dichte entsprechend der Schwächung μ_2 . Der Röntgenstrahl fällt mit der Eingangsintensität \mathcal{I}_0 auf den Stab ein und wird mit der Ausgangsintensität \mathcal{I}_2 gemessen. Mit einer separaten Perspektive ist es schnell einleuchtend, dass bezüglich des rechten Blocks die Eingangsintensität \mathcal{I}_1 gleich der Ausgangsintensität des linken Blocks ist. Das heißt, dass der gestrichelte Pfeil mit μ_1 geschwächt wird, bevor er das Material mit μ_2 durchdringt.

Wir brauchen daher effiziente Algorithmen, um eine stabile CT-Rekonstruktion zu gewährleisten. Abbildung 2.4 zeigt uns einen Röntgenstrahl, der hypothetisch in zwei Extinktionen

$$\ln\left(\frac{\mathcal{I}_0}{\mathcal{I}_1}\right) = \int_0^1 \mu_1 ds \quad \text{und} \quad \ln\left(\frac{\mathcal{I}_1}{\mathcal{I}_2}\right) = \int_1^2 \mu_2 ds$$

aufgeteilt werden kann. Für die gemessene Extinktion ergibt sich ein unterbestimmtes und damit schlecht gestelltes Problem

$$\ln\left(\frac{\mathcal{I}_0}{\mathcal{I}_2}\right) = \ln\left(\frac{\mathcal{I}_0}{\mathcal{I}_1} \cdot \frac{\mathcal{I}_1}{\mathcal{I}_2}\right) = \ln\left(\frac{\mathcal{I}_0}{\mathcal{I}_1}\right) + \ln\left(\frac{\mathcal{I}_1}{\mathcal{I}_2}\right) = \int_0^1 (\mu_1 + \mu_2) ds = \mu_1 + \mu_2,$$

aber zumindest ist es linear und für ein CT-System repräsentativ.

In diesem Einschub zur numerischen linearen Algebra⁷ wollen wir daher zwei etablierte numerische Methoden zu linearen Ausgleichsproblemen einführen, um uns einen kleinen Überblick über die damit verbundenen Problematiken zu verschaffen. Im folgenden Abschnitt greifen wir weitestgehend auf das Buch von Dahmen und Reusken [DR08] zurück.

Die QR-Zerlegung

Eine QR-Zerlegung einer Matrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{N \times M}$ mit $N \geq M$ ist eine Zerlegung in das Matrixprodukt $\mathbf{A} = \mathbf{Q}\mathbf{R}$. Das Produkt besteht aus einer orthogonalen Matrix $\mathbf{Q} \in \mathbb{R}^{N \times N}$ und einer rechteckigen Matrix $\mathbf{R} \in \mathbb{R}^{N \times M}$, die wiederum aus den Blockmatrizen $\tilde{\mathbf{R}} \in \mathbb{R}^{M \times M}$ und $\mathbf{O} \in \mathbb{R}^{(N-M) \times M}$ besteht.

Bemerkung Die Nullmatrix \mathbf{O} ist eine Matrix, die nur aus Nullen besteht und die Matrix $\tilde{\mathbf{R}}$ ist eine rechte obere Dreiecksmatrix. \square

⁷Dieser Abschnitt basiert im Wesentlichen auf der Masterarbeit von Bannasch mit dem Titel *Das iterative Lösen von Systemmatrizen aus der Computertomographie mit Hilfe von diskreten Zeitfluss-Verfahren*, die an der [Fakultät für Mathematik](#) der [Otto-von-Guericke Universität Magdeburg](#) angefertigt wurde.

Die Rechtecksmatrix \mathbf{R} hat daher die Form

$$\mathbf{R} = \begin{bmatrix} \tilde{\mathbf{R}} \\ \mathbf{O} \end{bmatrix}.$$

Wir werden uns bei der QR-Zerlegung auf das Lösen von überbestimmten Systemen mit einer Matrix \mathbf{A} ohne Rangdefizit beschränken. Weiter nehmen wir eine injektive aber nicht surjektive lineare Abbildung an, die daher inkonsistent ist.

Solche Probleme können beispielsweise durch das sogenannte lineare Ausgleichsproblem

$$\|\mathbf{A}\boldsymbol{\mu} - \mathbf{p}\|_2^2 \rightarrow \min \quad (2.10)$$

Fehler-minimierend gelöst werden. Die eindeutig Norm-minimierend Lösung $\boldsymbol{\mu}^*$ der Gleichung (2.10) wird auch *Lösung kleinster Quadrate* (engl. *least-squares-solution*) genannt.

Für die Berechnung einer QR-Zerlegung wird die Transponierte einer orthogonalen Matrix \mathbf{Q}^T mit $\mathbf{Q}^T\mathbf{Q} = \mathbf{I}$ an das zugrundeliegende Gleichungssystem

$$\mathbf{A}\boldsymbol{\mu} = \mathbf{p},$$

von links multipliziert, so dass

$$\mathbf{Q}^T\mathbf{A}\boldsymbol{\mu} = \mathbf{Q}^T\mathbf{Q}\mathbf{R}\boldsymbol{\mu} = \mathbf{R}\boldsymbol{\mu} = \mathbf{Q}^T\mathbf{p} := \begin{bmatrix} \mathbf{q}_1 \\ \mathbf{q}_2 \end{bmatrix}$$

mit $\mathbf{q}_1 \in \mathbb{R}^M$ und $\mathbf{q}_2 \in \mathbb{R}^{N-M}$ ist. Schließlich lösen wir analog zum Gauß-Algorithmus durch Rückwärtseinsetzen das System

$$\tilde{\mathbf{R}}\boldsymbol{\mu} = \mathbf{q}_1$$

und erhalten zunächst eine Lösung $\boldsymbol{\mu}^*$.

Bemerkung Für eine geeignete Berechnung der QR-Zerlegung können bekannte Algorithmen wie die Householder-Reflektion, die Givens-Rotation oder theoretisch auch die Gram-Schmidt-Orthogonalisierung verwendet werden und in Büchern wie das von Deuffhard und Hohmann [DH02] nachgeschlagen werden.

Eine typische Anwendung einer QR-Zerlegung nach Householder findet sich in den linearen Ausgleichsproblemen wieder, bei denen voll besetzte Matrizen vorliegen. Die sogenannte Householder-Reflektion ist, wie der Name schon andeutet, eine orthogonale Spiegelung an einer Hyperebene.

Die Givens-Rotation ist eine Drehung und findet Anwendung bei linearen Ausgleichsproblemen mit dünn besetzten Matrizen oder sogenannten Hessenberg-Matrizen.

Die Gram-Schmidt-Orthogonalisierung ist numerisch derart instabil, sodass sie nur selten in Betracht gezogen wird. \square

Für das Residuum gilt die Abschätzung

$$\begin{aligned} \|\mathbf{p} - \mathbf{A}\boldsymbol{\mu}\|_2^2 &= \|\mathbf{Q}^T(\mathbf{p} - \mathbf{A}\boldsymbol{\mu})\|_2^2 = \|\mathbf{Q}^T(\mathbf{p} - \mathbf{Q}\mathbf{R}\boldsymbol{\mu})\|_2^2 \\ &= \left\| \begin{pmatrix} \mathbf{q}_1 - \tilde{\mathbf{R}}\boldsymbol{\mu} \\ \mathbf{q}_2 \end{pmatrix} \right\|_2^2 = \|\mathbf{q}_1 - \tilde{\mathbf{R}}\boldsymbol{\mu}\|_2^2 + \|\mathbf{q}_2\|_2^2. \end{aligned}$$

Für die Lösung $\boldsymbol{\mu}^*$, die die QR-Zerlegung für $\tilde{\mathbf{R}}\boldsymbol{\mu} = \mathbf{q}_1$ liefert, gilt folglich

$$\|\mathbf{p} - \mathbf{A}\boldsymbol{\mu}^*\|_2^2 = \|\mathbf{q}_2\|_2^2.$$

Die QR-Zerlegung ist demnach durch die Berechnung von

$$\boldsymbol{\mu}^* = \tilde{\mathbf{R}}^{-1} \mathbf{q}_1 \quad (2.11)$$

gegeben.

So liefert die QR-Zerlegung auch bei regulären Systemen die eindeutige Lösung und ist daher eine Alternative zum Gauß-Algorithmus mit ähnlichem Rechenaufwand.

Bemerkung Weiter wollen wir in diesem Zusammenhang die RQ-Zerlegung als Variante zur QR-Zerlegung kurz erwähnen.

Hierzu betrachten wir zur Veranschaulichung eine quadratische Matrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{N \times N}$ mit $\text{Rang}(\mathbf{A}) \leq N$. Weiter definieren wir die Permutationsmatrix $\mathbf{I}^P \in \mathbb{R}^{N \times N}$, die mit

$$\mathbf{I}^P := \{\delta_{i(N-j+1)}\}_{i,j=1,\dots,N} = \begin{pmatrix} 0 & \dots & 0 & 1 \\ \vdots & & 1 & 0 \\ 0 & 1 & & \vdots \\ 1 & 0 & \dots & 0 \end{pmatrix}$$

beschrieben werden kann.

Diese Permutationsmatrix \mathbf{I}^P kehrt die Reihenfolge der Spalten von \mathbf{A} um, wenn man diese mit $\mathbf{A}\mathbf{I}^P$ von rechts mit der Matrix \mathbf{A} multipliziert. Die Multiplikation von links mit $\mathbf{I}^P\mathbf{A} =: \mathbf{B}$ ist eine analoge Umkehrung der Zeilenreihenfolge von \mathbf{A} .

Es gilt demnach ebenfalls $(\mathbf{I}^P)^2 = \mathbf{I}$ und wir finden darüber hinaus eine QR-Zerlegung für die Transponierte der Matrix \mathbf{B} mit $\mathbf{B}^T = \mathbf{Q}_B \mathbf{R}_B$. Dann folgt mit der rechten oberen Dreiecksmatrix $\mathbf{R} := \mathbf{I}^P \mathbf{R}_B^T \mathbf{I}^P$ und der orthogonalen Matrix $\mathbf{Q} := \mathbf{I}^P \mathbf{Q}_B^T$

$$\begin{aligned} \mathbf{A} &= \mathbf{I}^P \mathbf{I}^P \mathbf{A} = \mathbf{I}^P (\mathbf{I}^P \mathbf{A}) = \mathbf{I}^P \mathbf{B} = \mathbf{I}^P (\mathbf{B}^T)^T = \mathbf{I}^P (\mathbf{Q}_B \mathbf{R}_B)^T \\ &= \mathbf{I}^P \mathbf{R}_B^T \mathbf{Q}_B^T = \mathbf{I}^P \mathbf{R}_B^T (\mathbf{I}^P \mathbf{I}^P) \mathbf{Q}_B^T = (\mathbf{I}^P \mathbf{R}_B^T \mathbf{I}^P) (\mathbf{I}^P \mathbf{Q}_B^T) = \mathbf{R} \mathbf{Q} \end{aligned}$$

die RQ-Zerlegung als Pendant zur QR-Zerlegung.

Wir wollen die RQ-Zerlegung als Hilfsmittel für die Dekodierung der sogenannten Projektionsmatrizen motivieren.

Diese werden unter anderem dazu verwendet, um 2D Detektor- (oder auch 2D Kamera-) in 3D-Weltkoordinaten umzurechnen. Diese Koordinatentransformationen werden in dieser Arbeit weitestgehend durch die linearen Transformationen \mathcal{A} oder \mathcal{R} algebraisch beschrieben, jedoch in der praktischen CT-Forschung weit verbreitet durch Projektionsmatrizen berechnet.

Mit diesen Matrizen kann beispielsweise jeder Punkt, der auf dem Röntgenstrahlengang liegt, bestimmt werden und umgekehrt. Jeder Punkt im 3D-Weltkoordinatensystem kann jeweils dem zugehörigen Strahl und damit auch dem entsprechenden Detektorelement zugeordnet werden.

Mit der RQ-Zerlegung können wir so bestimmte Eigenschaften über das CT-System aus den Projektionsmatrizen ermitteln, welche in der Regel unterbestimmt sind.

Dazu gehören intrinsische Parameter, wie beispielsweise der Abstand von der Quelle zum Detektor und extrinsische, wie die Rotation des Systems. \square

Die Moore-Penrose-Pseudoinverse

Eine andere Möglichkeit, um ein lineares Ausgleichsproblem zu lösen, resultiert daraus, wenn wir den Gradienten von $\chi(\boldsymbol{\mu}) := \|\mathbf{p} - \mathbf{A}\boldsymbol{\mu}\|_2^2$ bilden und diesen gleich dem Nullvektor $\mathbf{0} \in \mathbb{R}^M$ setzen

$$\nabla \chi(\boldsymbol{\mu}) = \nabla \|\mathbf{p} - \mathbf{A}\boldsymbol{\mu}\|_2^2 = \nabla \langle \mathbf{p} - \mathbf{A}\boldsymbol{\mu}, \mathbf{p} - \mathbf{A}\boldsymbol{\mu} \rangle = 2(\mathbf{A}^T \mathbf{A}\boldsymbol{\mu} - \mathbf{A}^T \mathbf{p}) = \mathbf{0}. \quad (2.12)$$

Bemerkung Die Richtigkeit der Gleichung (2.12) lässt sich recht übersichtlich mit der Einstein'schen Summenkonvention überprüfen. Für die charakteristische Funktion

$$\chi(\boldsymbol{\mu}) = \mathbf{p}^T \mathbf{p} - (\mathbf{A}\boldsymbol{\mu})^T \mathbf{p} - \mathbf{p}^T \mathbf{A}\boldsymbol{\mu} + \boldsymbol{\mu}^T \mathbf{A}^T \mathbf{A}\boldsymbol{\mu}$$

gilt mit dieser Schreibweise einerseits

$$\chi = p_i^2 - \mu_j a_{ij} p_i - p_j a_{ji} \mu_i + \mu_j a_{ij} a_{ik} \mu_k;$$

andererseits folgt mit $\partial_m \mu_j = \delta_{mj}$ für das Differential

$$\begin{aligned} \partial_m \chi &= -a_{im} p_i - p_j a_{jm} + a_{im} a_{ik} \mu_k + \mu_k a_{ik} a_{im} \\ &= -2a_{im} p_i + 2a_{im} a_{ik} \mu_k \\ &= -2 \left(\mathbf{A}^T \mathbf{p} \right)_m + 2 \left(\mathbf{A}^T \mathbf{A} \boldsymbol{\mu} \right)_m = 0 \end{aligned}$$

die Gaußsche Normalform $\mathbf{A}^T \mathbf{A} \boldsymbol{\mu} = \mathbf{A}^T \mathbf{p}$ aus Gleichung (2.12). \square

Bevor wir aber das lineare Ausgleichsproblem lösen und diskutieren wollen, setzen wir uns mit einigen Eigenschaften der quadratischen Form $\mathbf{A}^T \mathbf{A}$, beziehungsweise auch $\mathbf{A} \mathbf{A}^T$ mit dem folgenden Lemma auseinander. Ohne Beschränkung der Allgemeinheit einigen wir uns dafür auf den überbestimmten Fall mit $\mathbf{A}^T \mathbf{A}$.

Lemma 2.2.1: Quadratische Form

Es sei die Matrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{N \times M}$ gegeben, so ist die quadratische Form $\mathbf{A}^T \mathbf{A}$ symmetrisch, diagonalisierbar und zumindest positiv semidefinit.

Des Weiteren ist sie positiv definit, wenn $\text{Rang}(\mathbf{A}) = M$ und damit $N \geq M$ ist.

Beweis Die Symmetrieeigenschaft

$$(\mathbf{A}^T \mathbf{A})^T = \mathbf{A}^T \mathbf{A}$$

ist offensichtlich erfüllt und wir sehen, dass für alle $\boldsymbol{\mu} \in \mathbb{R}^M$ wegen

$$\boldsymbol{\mu}^T (\mathbf{A}^T \mathbf{A}) \boldsymbol{\mu} = (\mathbf{A}\boldsymbol{\mu})^T (\mathbf{A}\boldsymbol{\mu}) = \|\mathbf{A}\boldsymbol{\mu}\|_2^2 \geq 0$$

die Matrix $\mathbf{A}^T \mathbf{A}$ positiv semidefinit ist. Sei nun $\text{Rang}(\mathbf{A}) = M$, dann gilt

$$\mathbf{A} = \mathbf{Q} \begin{bmatrix} \tilde{\mathbf{R}} \\ \mathbf{O} \end{bmatrix}$$

mit $\tilde{\mathbf{R}} \in \mathbb{R}^{M \times M}$ und $\det(\tilde{\mathbf{R}}) \neq 0$. Es folgt mit der QR-Zerlegung

$$\mathbf{A}^T \mathbf{A} = \begin{bmatrix} \tilde{\mathbf{R}} \\ \mathbf{O} \end{bmatrix}^T \mathbf{Q}^T \mathbf{Q} \begin{bmatrix} \tilde{\mathbf{R}} \\ \mathbf{O} \end{bmatrix} = \tilde{\mathbf{R}}^T \tilde{\mathbf{R}},$$

dass

$$\det(\mathbf{A}^T \mathbf{A}) = \det(\tilde{\mathbf{R}})^2 \neq 0$$

ist. Die Form $\mathbf{A}^T \mathbf{A}$ ist zu mindestens positiv semidefinit und daher unter der Bedingung $\text{Rang}(\mathbf{A}) = M$ auch strikt positiv definit.

Die Diagonalisierbarkeit folgt aus der Symmetrie. \square

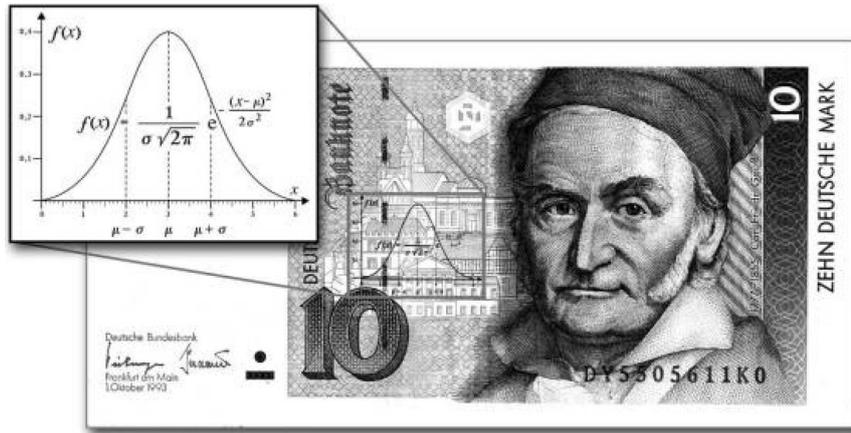


Abbildung 2.5.: Zehn-Mark-Schein (Bildvorlage entstammt [DH02]):

Carl Friedrich Gauß war zusammen mit der Gauß'schen Glockenkurve (2.14), die auch als Gauß'sche Normalverteilung bekannt ist, von 1991 bis 2002 auf dem damaligen 10DM-Schein abgebildet und wir wollen das an dieser Stelle zu Ehren von Gauß nochmals erwähnen.

Bemerkung Die gleiche Aussage des Lemmas 2.2 gilt natürlich auch für die quadratische Form $\mathbf{A}\mathbf{A}^T$ im unterbestimmten Fall. Die positive Definitheit erhält man in diesem Fall mit Hilfe der RQ-Zerlegung und der Voraussetzung, dass die Matrix $\mathbf{B} = \mathbf{A}^T\mathbf{I}^P \in \mathbb{R}^{M \times N}$ mit entsprechend $N \leq M$ den Rang $\text{Rang}(\mathbf{A}) = N$ besitzt. \square

Sei nun die Matrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{N \times M}$ mit $\text{Rang}(\mathbf{A}) = M$ gegeben. Dann wird die Lösung $\boldsymbol{\mu}^*$, die die Gaußsche Normalform

$$\mathbf{A}^T \mathbf{A} \boldsymbol{\mu} = \mathbf{A}^T \mathbf{p} \quad (2.13)$$

erfüllt, Minimallösung des linearen Ausgleichsproblems genannt. Sie kann eindeutig durch eine sogenannte Moore-Penrose-Pseudoinverse für überbestimmte Matrizen ohne Rangdefizit mit

$$\boldsymbol{\mu}^* = (\mathbf{A}^T \mathbf{A})^{-1} \mathbf{A}^T \mathbf{p} =: \mathbf{A}^+ \mathbf{p}$$

bestimmt werden. Weiter sehen mit der QR-Zerlegung

$$\boldsymbol{\mu}^* = (\mathbf{A}^T \mathbf{A})^{-1} \mathbf{A}^T \mathbf{p} = ((\mathbf{Q}\mathbf{R})^T \mathbf{Q}\mathbf{R})^{-1} (\mathbf{Q}\mathbf{R})^T \mathbf{p} = \mathbf{R}^+ \mathbf{Q}^T \mathbf{p}$$

das mit $\boldsymbol{\mu}^* = (\tilde{\mathbf{R}}^T \tilde{\mathbf{R}})^{-1} \tilde{\mathbf{R}}^T \mathbf{Q}^T \mathbf{p} = \tilde{\mathbf{R}}^{-1} \mathbf{Q}^T \mathbf{p}$ gleiche Norm-minimierende Resultat wie bei der QR-Zerlegung.

Bemerkung Das quadratische Ausgleichsproblem geht auf die Wahrscheinlichkeitsrechnung von Gauß zurück und wird im Buch von Deuffhard [DH02] etwas detaillierter dokumentiert. Die Äquivalenz des Optimierungsproblems der Gauß'schen Normalverteilung

$$\exp\left(-\sum_{j=1}^M (p_i - a_{ij}\mu_j)^2\right) \rightarrow \max \quad (2.14)$$

für $i = 1, \dots, N$ zum Ausgleichsproblem $\sum_{j=1}^M (p_i - a_{ij}\mu_j)^2 \rightarrow \min$ wird im Wesentlichen durch die Logarithmierung charakterisiert und ist in der Gesamtheit als Maximum-Likelihood-Methode bekannt. \square

Im Fall, dass der Zeilenrang kleiner als der Spaltenrang ist, bilden die Lösungen einen affinen Unterraum, da wir hier von konsistenten Systemen ausgehen. Wir wollen uns daher auf die Lösung minimaler Norm einigen, also die, die im orthogonalen Komplement $\text{Kern}(\mathbf{A})^\perp$ des Kerns der Matrix \mathbf{A} liegt.

Hier nehmen wir an, dass die Matrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{N \times M}$ weniger Zeilen als Spalten hat. Eine Minimallösung finden wir mit der QL-Zerlegung, die eine QR-Zerlegung der Matrix $\mathbf{B} := \mathbf{A}^T$ ist. Das heißt wir finden für die Matrix \mathbf{B} mit $\text{Rang}(\mathbf{B}) = N \leq M$ eine orthogonale Matrix $\mathbf{Q} \in \mathbb{R}^{M \times M}$, sodass die QR-Zerlegung bezüglich \mathbf{A} mit der linken unteren Dreiecksmatrix $\tilde{\mathbf{L}} := \tilde{\mathbf{R}}^T \in \mathbb{R}^{N \times N}$ und $\mathbf{O} \in \mathbb{R}^{(M-N) \times (M-N)}$ eine LR-Zerlegung für \mathbf{B}

$$\mathbf{B} = \mathbf{A}^T = (\mathbf{Q}\mathbf{R})^T = \begin{pmatrix} \tilde{\mathbf{R}}^T & \mathbf{O} \end{pmatrix} \mathbf{Q}^T =: \begin{pmatrix} \tilde{\mathbf{L}} & \mathbf{O} \end{pmatrix} \mathbf{Q}^T = \mathbf{L}\mathbf{Q}^T$$

ergibt.

Wir wenden die QL-Zerlegung auf die Normalengleichung mit $\mathbf{Q}^T \mathbf{p} =: (\mathbf{q}_1, \mathbf{q}_2)^T \in \mathbb{R}^{N+(M-N)}$

$$\begin{aligned} \mathbf{A}^T \mathbf{A} \boldsymbol{\mu} - \mathbf{A}^T \mathbf{p} &= \mathbf{B}\mathbf{B}^T \boldsymbol{\mu} - \mathbf{B}\mathbf{p} = \mathbf{L}\mathbf{Q}^T (\mathbf{L}\mathbf{Q}^T)^T \boldsymbol{\mu} - \mathbf{L}\mathbf{Q}^T \mathbf{p} \\ &= \begin{pmatrix} \tilde{\mathbf{L}} & \mathbf{O} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \tilde{\mathbf{L}}^T \\ \mathbf{O} \end{pmatrix} \boldsymbol{\mu} - \begin{pmatrix} \tilde{\mathbf{L}} & \mathbf{O} \end{pmatrix} \mathbf{Q}^T \mathbf{p} = \begin{pmatrix} \tilde{\mathbf{L}}\tilde{\mathbf{L}}^T \boldsymbol{\mu} - \tilde{\mathbf{L}}\mathbf{q}_1 \\ \mathbf{O} \end{pmatrix} \end{aligned}$$

an und dies ergibt die Lösung der QL-Zerlegung

$$\boldsymbol{\mu}^* = (\tilde{\mathbf{L}}\tilde{\mathbf{L}}^T)^{-1} \tilde{\mathbf{L}}\mathbf{q}_1 = \tilde{\mathbf{L}}^{-T} \mathbf{q}_1 = \tilde{\mathbf{R}}^{-1} \mathbf{q}_1.$$

Daher verfolgen wir den Ansatz von Lagrange und betrachten das Minimierungsproblem als ein Optimierungsproblem der quadratischen Funktion

$$\frac{1}{2} \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 = \frac{1}{2} \boldsymbol{\mu}^T \boldsymbol{\mu} \rightarrow \min$$

mit der Nebenbedingung

$$\mathbf{A}\boldsymbol{\mu} = \mathbf{p}.$$

Wir verwenden die Lagrange'sche Multiplikatortechnik und betrachten dafür die Funktion

$$\mathcal{L}(\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\lambda}) := \frac{1}{2} \boldsymbol{\mu}^T \boldsymbol{\mu} + \boldsymbol{\lambda}^T (\mathbf{p} - \mathbf{A}\boldsymbol{\mu})$$

mit dem Lagrangemultiplikator $\boldsymbol{\lambda} \in \mathbb{R}^N$.

Ein schneller Zugriff auf diese Methode finden wir im Bronstein et al. [BSM08] und können daraus das notwendige Kriterium für das Optimierungsproblem ableiten.

Es lautet demnach

$$\nabla_{\boldsymbol{\mu}} \mathcal{L}(\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\lambda}) = \boldsymbol{\mu} - \mathbf{A}^T \boldsymbol{\lambda} = \mathbf{0}$$

und

$$\nabla_{\boldsymbol{\lambda}} \mathcal{L}(\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\lambda}) = \mathbf{p} - \mathbf{A}\boldsymbol{\mu} = \mathbf{0}.$$

Daraus ergeben sich $\boldsymbol{\mu} = \mathbf{A}^T \boldsymbol{\lambda}$ und $\boldsymbol{\lambda} = (\mathbf{A}\mathbf{A}^T)^{-1} \mathbf{p}$, da die Matrix $\mathbf{A}\mathbf{A}^T$ regulär ist. Wir erhalten die optimale Lösung des Minimierungsproblems

$$\boldsymbol{\mu}^* = \mathbf{A}^T (\mathbf{A}\mathbf{A}^T)^{-1} \mathbf{p} =: \mathbf{A}^- \mathbf{p} \quad (2.15)$$

für unterbestimmte Gleichungssysteme. Zusammenfassend erhalten wir aus

$$\begin{aligned} \boldsymbol{\mu}^* &= \mathbf{A}^T (\mathbf{A}\mathbf{A}^T)^{-1} \mathbf{p} = \mathbf{B} (\mathbf{B}^T \mathbf{B})^{-1} \mathbf{p} \\ &= (\mathbf{L}\mathbf{Q}^T) \left((\mathbf{L}\mathbf{Q}^T)^T (\mathbf{L}\mathbf{Q}^T) \right)^{-1} \mathbf{p} = (\mathbf{L}\mathbf{Q}^T)^- \mathbf{p} \end{aligned}$$

	N=10	N=100	N=1000
QR	$2.1 \cdot 10^{-4}$	$1.1 \cdot 10^3$	$5.0 \cdot 10^5$
Pinv	$8.7 \cdot 10^{-4}$	0.0162	0.0108

Tabelle 2.1.: Hilbert-Matrix-Test

die Gleichung

$$\boldsymbol{\mu}^* = \tilde{\mathbf{L}}\mathbf{Q}^T\mathbf{Q}\tilde{\mathbf{L}}^{-1}\tilde{\mathbf{L}}^{-T}\mathbf{Q}^T\mathbf{p} = \tilde{\mathbf{L}}^{-T}\mathbf{q}_1 = \tilde{\mathbf{R}}^{-1}\mathbf{q}_1.$$

Wir ziehen das Fazit, dass für unterbestimmte lineare Gleichungssysteme mit vollem Rang die Pseudoinverse äquivalent zur QL-Zerlegung ist.

Der Aufwand zur Berechnung der Pseudoinversen ist mit $\mathcal{O}((NM)^2)$ im Vergleich zur QR-Zerlegung mit $\mathcal{O}(NM)$ relativ hoch, dennoch zeigt das nächste Experiment, dass wir auf den Lösungsansatz mit Hilfe der Pseudoinversen nicht verzichten können. Dafür generieren wir zum Test die sogenannte Hilbert-Matrix $\mathbf{H} \in \mathbb{R}^{N \times M}$ mit den Koeffizienten

$$h_{i,j} := \frac{1}{j+i-1}$$

und erzeugen die rechte Seite \mathbf{p} , indem \mathbf{H} mit einem Vektor $\mathbf{1} \in \mathbb{R}^N$ multipliziert wird, der nur aus Einsen besteht.

Das lineare Ausgleichsproblem lautet demnach $\|\mathbf{H}\boldsymbol{\mu} - \mathbf{p}\| \rightarrow \min$ und wir erhalten den Fehler $\|\boldsymbol{\mu}^* - \mathbf{1}\|_2$. Wir sehen anhand Tabelle 2.1, dass die QR-Zerlegung dem Experiment nicht standhält im Gegensatz zur Pseudoinversen (Pinv). Daher wollen wir die Moore-Penrose-Pseudoinverse als optimal zu erreichendes Ergebnis im Hinterkopf behalten.

Aufgrund der großen Dimension der Systemmatrix wird es in der CT-Forschung bislang nicht verfolgt, diese direkt zu berechnen oder gar abzuspeichern. Es erwies sich bislang als effizienter, für das Speichermanagement die Koeffizienten für die Matrix-Vektor-Operation $\mathbf{A}\boldsymbol{\mu}$ beziehungsweise $\mathbf{A}^T\mathbf{p}$ stets für jeden Aufruf erneut (engl. *on-the-fly*) zu berechnen.

Dennoch dient die Moore-Penrose-Pseudoinverse für uns später als analytisches Maß sowie Hilfsmittel und wir schließen mit einer kurzen Diskussion der verallgemeinerten Pseudoinversen diesen kleinen Ausflug in die Numerik linearer Ausgleichsprobleme ab.

Die verallgemeinerte Pseudoinverse

Wir behalten die Notation $\mathbf{A}^- = \mathbf{A}^T(\mathbf{A}\mathbf{A}^T)^{-1}$ für den expliziten Fall, dass der $\text{Rang}(\mathbf{A}) = \min(N, M) = N$ gilt, beziehungsweise $\mathbf{A}^+ = (\mathbf{A}^T\mathbf{A})^{-1}\mathbf{A}^T$, wenn der $\text{Rang}(\mathbf{A}) = \min(N, M) = M$ ist, bei.

Leider ist die quadratische Form $\mathbf{A}^T\mathbf{A}$ beziehungsweise $\mathbf{A}\mathbf{A}^T$ nicht invertierbar, wenn die Matrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{N \times M}$ ein Rangdefizit mit $\text{Rang}(\mathbf{A}) < \min(N, M)$ besitzt. Wir erweitern daher den Begriff der Pseudoinversen mit den sogenannten Penrose-Axiomen, die mit

$$\mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger\mathbf{A} = \mathbf{A} \tag{MP1}$$

$$\mathbf{A}^\dagger\mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger = \mathbf{A}^\dagger \tag{MP2}$$

$$(\mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger)^T = \mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger \tag{MP3}$$

$$(\mathbf{A}^\dagger\mathbf{A})^T = \mathbf{A}^\dagger\mathbf{A} \tag{MP4}$$

eine verallgemeinerte Inverse charakterisieren.

Mit der Eigenschaft (MP1) beziehungsweise (MP2) stellen wir dabei fest, dass sowohl $\tilde{\mathbf{Q}}_{\mathbf{A}}^\perp := \mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger$ als auch $\mathbf{Q}_{\mathbf{A}}^\perp := \mathbf{A}^\dagger\mathbf{A}$ mit

$$(\tilde{\mathbf{Q}}_{\mathbf{A}}^\perp)^2 = (\mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger)^2 = \mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger = (\mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger)^T = \tilde{\mathbf{Q}}_{\mathbf{A}}^\perp,$$

$$(\mathbf{Q}_{\mathbf{A}}^\perp)^2 = (\mathbf{A}^\dagger\mathbf{A})^2 = \mathbf{A}^\dagger\mathbf{A} = (\mathbf{A}^\dagger\mathbf{A})^T = \mathbf{Q}_{\mathbf{A}}^\perp$$

idemponent und orthogonale Projektionen sind. Das Gleiche gilt für die orthogonalen Projektionen $\tilde{Q}_A := \mathbf{I} - \tilde{Q}_A^\perp$ sowie $Q_A := \mathbf{I} - A^\dagger A$ mit

$$\begin{aligned} (\tilde{Q}_A)^2 &= (\mathbf{I} - \mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger)^2 = \mathbf{I} - 2\mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger + (\mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger\mathbf{A})\mathbf{A}^\dagger = \mathbf{I} - 2\mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger + \mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger = \tilde{Q}_A, \\ (Q_A)^2 &= (\mathbf{I} - \mathbf{A}^\dagger\mathbf{A})^2 = \mathbf{I} - 2\mathbf{A}^\dagger\mathbf{A} + (\mathbf{A}^\dagger\mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger)\mathbf{A} = \mathbf{I} - 2\mathbf{A}^\dagger\mathbf{A} + \mathbf{A}^\dagger\mathbf{A} = Q_A \end{aligned}$$

und stellen mit

$$\begin{aligned} \tilde{Q}_A \tilde{Q}_A^\perp &= (\mathbf{I} - \mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger)\mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger = \mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger - (\mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger\mathbf{A})\mathbf{A}^\dagger = \mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger - \mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger = \mathbf{O}, \\ Q_A Q_A^\perp &= (\mathbf{I} - \mathbf{A}^\dagger\mathbf{A})\mathbf{A}^\dagger\mathbf{A} = \mathbf{A}^\dagger\mathbf{A} - (\mathbf{A}^\dagger\mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger)\mathbf{A} = \mathbf{A}^\dagger\mathbf{A} - \mathbf{A}^\dagger\mathbf{A} = \mathbf{O} \end{aligned}$$

die komplementären Projektionen dar. Ziehen wir das Buch von Dahmen und Reusken [DR08] oder das von Rieder [Rie13] zu Rate, so stellt \tilde{Q}_A^\perp beziehungsweise Q_A^\perp eine orthogonale Projektion auf das Bild(\mathbf{A}) beziehungsweise auf den Kern(\mathbf{A}) dar. Entsprechend projizieren \tilde{Q}_A und Q_A auf die jeweiligen Orthogonalkomplemente.

Die Singulärwertzerlegung

Können wir die Pseudoinverse weder mit der Vorschrift von \mathbf{A}^- , noch von \mathbf{A}^+ berechnen, verwenden wir in dieser Arbeit als Verallgemeinerung die sogenannte Singulärwertzerlegung.

Satz 2.2.1: Singulärwertzerlegung

Es sei die Matrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{N \times M}$ gegeben. Dann existiert eine unitäre $\mathbf{U} \in \mathbb{R}^{M \times M}$, eine orthogonale $\mathbf{V} \in \mathbb{R}^{N \times N}$ und eine Pseudodiagonalmatrix $\mathbf{\Sigma} \in \mathbb{R}^{N \times M}$ mit

$$\mathbf{\Sigma} := \{\sigma_{\min(i,j)} \cdot \delta_{ij}\}_{i=1,\dots,N; j=1,\dots,M}$$

und den in lexikographischer Reihenfolge geordneten Singulärwerten

$$\sigma_1 \geq \sigma_2 \geq \dots \geq \sigma_{\min(N,M)} \geq 0,$$

sodass die Matrix \mathbf{A} die Darstellung

$$\mathbf{A} = \mathbf{U}\mathbf{\Sigma}\mathbf{V}^T \tag{2.16}$$

besitzt. Die Gleichung (2.16) heißt Singulärwertzerlegung, wobei die quadrierten Singulärwerte gleich der quadratischen Form zugehörigen Eigenwerte sind.

Es gilt somit bezüglich der Spektralnorm $\sigma_1 = \|\mathbf{A}\|_2$.

Bemerkung Der rechte obere Block der Pseudodiagonalmatrix $\mathbf{\Sigma}$ ist mit $K \leq \min(N, M)$ eine Diagonalmatrix $\text{diag}(\sigma_1, \dots, \sigma_K, \underbrace{\sigma_{K+1} = 0, \dots, 0}_{\text{falls } K < \min(N, M)}) =: \tilde{\mathbf{\Sigma}} \in \mathbb{R}^{\min(N, M) \times \min(N, M)}$. Die rest-

lichen Koeffizienten von $\mathbf{\Sigma}$ sind alle gleich Null. Den Beweis des Satzes finden wir im Buch von Dahmen und Reusken [DR08] oder in dem von Rieder [Rie13]. \square

Die Quintessenz des Satzes über die Zerlegung (2.16) liegt darin, dass die Pseudoinvertierung von Systemen ohne vollen Rang durch die Singulärwertzerlegung geeignet realisiert werden kann.

Die verallgemeinerte Pseudoinverse kann mit

$$\mathbf{A}^\dagger = \mathbf{V}\mathbf{\Sigma}^\dagger\mathbf{U}^T$$

berechnet werden, wobei Pseudoinverse $\Sigma^\dagger \in \mathbb{R}^{M \times N}$ durch die Diagonalmatrix

$$\tilde{\Sigma}^\dagger := \text{diag}(\sigma_1^{-1}, \dots, \sigma_K^{-1}, \underbrace{0, \dots, 0, \dots, 0}_{\text{für } K < \min(N, M)}) \in \mathbb{R}^{\min(N, M) \times \min(N, M)}$$

mit $\sigma_1 \geq \sigma_2 \geq \dots \geq \sigma_K > 0$ bestimmt wird.

Das gilt natürlich auch für den Fall ohne Rangdefizit und wir verweisen an dieser Stelle für weiterführende Erkenntnisse auf die angegebene Literatur, wie auch auf das Buch von Strang [Str88].

2.3. Analytische Rekonstruktionstheorie

Johann Radon modellierte die Umwandlung der 1D gemessenen Projektionen in ein 2D Schwächungsprofil auf eine elegante mathematische Weise, die es ermöglicht, über diese Geradenfunktionen auf den Schwächungskoeffizienten zurückzuschließen". Die *Radon-Transformation* legte den Grundstein für die CT-Bildrekonstruktion und wollen wir mit Gleichung (2.24) einführen und diskutieren.

Bemerkung Eine sehr detailreiche Diskussion der Radon-Transformation findet sich im Werk von Helgason [Hel99] wieder. \square

Die Dirac'sche Delta-Distribution

Bevor wir uns also der Definition der Radon-Transformation und den zentralen Theoremen für die Rekonstruktionstheorie widmen, wollen wir uns vorher das analytische Werkzeug der Dirac'sche δ -Distribution aneignen. Ziel ist es, damit einen kompakten und konsistenten Zugang zur mathematischen Modellierung der Computertomographie zu erhalten.

Definition 2.3.1: Heaviside-Funktion

Die Heaviside-Funktion $H : \mathbb{R} \rightarrow \{0, 1\}$ ist als

$$H(x) := \begin{cases} 1, & \text{für } x \geq 0 \\ 0, & \text{für } x < 0 \end{cases}$$

definiert.

Sei neben der Heaviside-Funktion H auch noch die Testfunktion $\phi \in C_0^\infty(\mathbb{R})$ beliebig oft differenzierbar mit kompaktem Träger, dann gilt für die distributionelle Ableitung

$$\langle H', \phi \rangle = -\langle H, \phi' \rangle = -\int_{\mathbb{R}} \phi'(x)H(x)dx \quad (2.17)$$

$$= -\int_0^\infty \phi'(x)dx = -[\phi]_0^\infty = \phi(0) =: \langle \delta_0, \phi \rangle, \quad (2.18)$$

wenn wir die δ -Distribution mit $H' = \frac{dH}{dx} =: \delta_0$ als schwache Ableitung definieren. Die eigentlich singuläre δ -Distribution kann so

$$\langle \delta_0^{(n)}, \phi \rangle = (-1)^{(n)} \langle \delta_0, \phi^{(n)} \rangle = \phi^{(n)}(0)$$

mit $n \in \mathbb{N}$ beliebig oft distributionell differenziert werden. Das *Riemann-Stieltjes* bezüglich H ergibt

$$\langle \delta_0, \phi \rangle = \int_{\mathbb{R}} \phi(x)dH \quad (2.19)$$

und entspricht mit der heuristischen Beobachtung, dass $dH(\{0\}) = 1$ und $dH(\{x\}) = 0$ für alle $x \neq 0$ ist, der Gleichung (2.18). Hieraus lässt sich mit $u = ax - b$ und $a \neq 0$ eine linear affine Translation

$$\begin{aligned} \langle \delta_{ax-b}, \phi \rangle &= \int_{\mathbb{R}} \phi(x) dH(ax-b) = \int_{\mathbb{R}} \phi\left(\frac{u+b}{a}\right) \frac{1}{|a|} dH(u) \\ &= - \int_{\mathbb{R}} \phi'\left(\frac{u+b}{a}\right) H(u) \frac{1}{a^2} du \\ &= - \frac{1}{|a|} [\phi]_{\frac{b}{a}}^{\infty} = - \frac{1}{|a|} \phi\left(\frac{b}{a}\right) = \frac{1}{|a|} \langle \delta_{x-\frac{b}{a}}, \phi \rangle \end{aligned} \quad (2.20)$$

erklären.

Ebenfalls gilt die δ -Distribution mit $u = x - y$ als neutrales Element bezüglich einer Faltung

$$(\phi * \delta_0)(x) = \langle \delta_0, \phi(x-y) \rangle = \phi(x) \quad (2.21)$$

oder kurz gesagt

$$\phi * \delta = \phi.$$

Erweitern wir zusätzlich den zulässigen Raum der Testfunktionen, indem wir die Schwartz-Funktionen

$$\phi \in \mathcal{S}(\mathbb{R}) := \{\phi \in \mathcal{C}^\infty(\mathbb{R}) \mid |x^m \phi^{(n)}| < \infty, \text{ für alle } n, m \in \mathbb{N}\}$$

eingeführen und damit über einen geeigneten Stetigkeitsbegriff den Dualraum $\mathcal{S}'(\mathbb{R})$ der *temperierten* Distributionen. Dieser ist ein Unterraum der Distributionen auf \mathbb{R}^m , der die δ -Distributionen enthält.

Definition 2.3.2: Fourier-Transformation

Sei die Funktion $\phi \in \mathcal{S}(\mathbb{R}^m)$ eine Schwartz-Funktion, dann heißt der Operator $\mathcal{F}(\phi) := \widehat{\phi}$ Fourier-Transformation und ist mit

$$\widehat{\phi}(\mathbf{u}) := \int_{\mathbb{R}^m} \phi(\mathbf{x}) \exp(-2\pi i \langle \mathbf{x}, \mathbf{u} \rangle) d\mathbf{x}$$

definiert. Die Abbildung $\mathcal{F} : \mathcal{S}(\mathbb{R}^m) \rightarrow \mathcal{S}(\mathbb{R}^m)$ ist dabei ein Isomorphismus zwischen den Schwartzräumen.

Die Inversion wird durch $\mathcal{F}^{-1}(\widehat{\phi}) = \int_{\mathbb{R}^m} \widehat{\phi}(\mathbf{u}) \exp(2\pi i \langle \mathbf{x}, \mathbf{u} \rangle) d\mathbf{u}$ erklärt.

Die Konsequenz, beispielsweise nach Hunter [HN01] oder Natterer und Wübbeling [NW01], ist mit einer Distribution $\beta \in \mathcal{S}'(\mathbb{R}^m)$ die m -dimensionale *distributionelle* Fourier-Transformation mit

$$\langle \widehat{\beta}, \phi \rangle := \langle \beta, \widehat{\phi} \rangle. \quad (2.22)$$

Sie stellt auf dem Dualraum des Schwartz-Raums $\mathcal{S}(\mathbb{R}^m)$ mit $\mathcal{F} : \mathcal{S}'(\mathbb{R}^m) \rightarrow \mathcal{S}'(\mathbb{R}^m)$ per Dualität ebenfalls einen Isomorphismus dar und die Gleichung (2.22) ließe sich als eine Anwendung der distributionellen Parseval'schen Gleichung interpretieren.

Für die δ -Distribution ergibt sich damit, dass die distributionelle Fourier-Transformierte mit

$$\langle \widehat{\delta}_0, \phi \rangle = \langle \delta_0, \widehat{\phi} \rangle = \widehat{\phi}(0) = \int_{\mathbb{R}} \phi(x) dx = \langle 1, \phi \rangle. \quad (2.23)$$

die konstante Funktion

$$\widehat{\delta}_0 = 1$$

ist.

Bemerkung Für die entsprechende Analysis des letzten Teils wird an dieser Stelle auf die Bücher von Hunter und Nachtergaele [HN01] oder Pöschel [Pös14] verwiesen. Es ist jedoch erwähnenswert, dass $\mathcal{C}_0^\infty(\mathbb{R}^m) \subset \mathcal{S}(\mathbb{R}^m) \subset L^1(\mathbb{R}^m)$ gilt. \square

Beispiel Wir betrachten mit

$$\phi_G(\mathbf{x}) = \exp\left(-\frac{1}{2}\|\mathbf{x}\|_2^2\right)$$

ein Beispiel für eine Schwartz-Funktion. Es gilt $\phi_G \notin \mathcal{C}_0^\infty(\mathbb{R}^m)$, da der Träger \mathbb{R}^m nicht kompakt ist. \square

Zusammenfassend gilt insbesondere $\mathcal{C}_0^\infty(\mathbb{R}^m) \subset \mathcal{S}(\mathbb{R}^m)$. Die δ -Distribution besitzt einen kompakten Träger und ist daher eine *temperierte* Distribution, welche ein stetiges, lineares Funktional auf dem $\mathcal{S}'(\mathbb{R}^m)$ darstellt [Pös14]. Es erlaubt, uns die Radon-Transformation auf den Schwartz-Raum zu definieren. Daher liegt es nahe, auch den Schwächungskoeffizienten für eine Definition der Radon-Transformation aus diesem erweiterten Testraum zu wählen.

Bemerkung Eine kompakte Übersicht über Distributionen und die Fourier-Transformation kann man ebenfalls im Anhang C bei Warnecke [11] erhalten.

Die Radon-Transformation

Nun wollen wir zur Computertomographie zurückkehren und die Radon-Transformation erklären. Diese integriert eine m -dimensionale Funktion μ über eine Hyperebene

$$H(r, \boldsymbol{\theta}) := \{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^m \mid \langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta} \rangle = r\},$$

die parallel zum Tangentialraum an die $(m-1)$ -dimensionale Einheitssphäre bei $\boldsymbol{\theta} \in \mathbf{S}^{m-1}$ ist und den Abstand $r \in \mathbb{R}$ zum Ursprung besitzt. In anderen Worten lebt die Radon-Transformation auf dem unbeschränkten Einheitszylinder $\mathcal{Z} := \{(\boldsymbol{\theta}, r) \mid \boldsymbol{\theta} \in \mathbf{S}^{m-1}, r \in \mathbb{R}\}$ im \mathbb{R}^{m+1} .

Definition 2.3.3: Radon-Transformation

Sei der Schwächungskoeffizient $\mu \in \mathcal{S}(\mathbb{R}^m)$ eine Schwartz-Funktion, dann ist die Radon-Transformation $\mathcal{R}\mu : \mathcal{S}(\mathbb{R}^m) \rightarrow \mathcal{S}(\mathcal{Z})$ als das Integral

$$\mathcal{R}\mu(r, \boldsymbol{\theta}) := \int_{H(r, \boldsymbol{\theta})} \mu(\mathbf{x}) \, d\mathbf{x} \quad (2.24)$$

über die Hyperebene $H(r, \boldsymbol{\theta})$ definiert. Das Integral existiert, da die Schwartz-Funktion μ auf dem Zylinder \mathcal{Z} gegen unendlich schnell^a abfällt.

^aPer Definition konvergieren Schwartz-Funktionen schneller gegen 0 als die Reziproke eines Polynoms mit beliebiger Ordnung.

Wir definieren des Weiteren die Funktion $\kappa_r(\mathbf{x}) := \langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta} \rangle - r$ und bezeichnen mit δ_{κ_r} das $(m-1)$ -dimensionale Maß auf der Hyperebene $H(\boldsymbol{\theta}, r)$. Dann gilt für eine Schwartz-Funktion $\phi \in \mathcal{S}(\mathbb{R}^m)$

$$\langle \delta_{\kappa_r}, \phi \rangle = \int_{H(r, \boldsymbol{\theta})} \phi(\mathbf{x}) d\delta_{\kappa_r}.$$

Nun erweitern wir die Gleichung (2.24) mit diesem Maß δ_{κ_r} und wählen dazu ein $\mathbf{y} \in H(0, \boldsymbol{\theta}) := \{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^m \mid \langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta} \rangle = 0\}$ dem Unterraum orthogonal zu $\boldsymbol{\theta}$. Dann ist $r \cdot \boldsymbol{\theta} + \mathbf{y} = \mathbf{x} \in H(r, \boldsymbol{\theta})$ eine geeignete Parametrisierung

$$\mathcal{R}\mu(r, \boldsymbol{\theta}) = \int_{H(r, \boldsymbol{\theta})} \mu(\mathbf{x}) d\mathbf{x} = \int_{H(0, \boldsymbol{\theta})} \mu(r \cdot \boldsymbol{\theta} + \mathbf{y}) d\delta_{\kappa_0} \quad (2.25)$$

für die Radon-Transformation. Weiter erhalten wir mit

$$\int_{H(0, \boldsymbol{\theta})} \mu(\mathbf{x}) d\delta_{\kappa_0} = \int_{H(r, \boldsymbol{\theta})} \mu(\mathbf{y}) d\delta_{\kappa_r} = \langle \delta_{\kappa_r}, \mu \rangle$$

eine zu Gleichung (2.24) äquivalente Schreibweise der Radon-Transformation.

Bemerkung Im Fall $m = 2$ ist der Zylinder $(\boldsymbol{\theta}, r)^T = (\cos(\alpha), \sin(\alpha), r)^T$ gegeben und man kann die Radon-Transformation als eine Funktion entlang eines Strahls

$$\mathcal{R}\mu(r, \boldsymbol{\theta}) = \langle \delta_{\kappa_r}, \mu \rangle = \int_{H(r, \boldsymbol{\theta})} \mu(\mathbf{x}) d\delta_{\kappa_r} =: p_{\boldsymbol{\theta}}(r),$$

interpretieren und wird im Weiteren als Projektion $p_{\boldsymbol{\theta}}(r)$ bezeichnet.

Darüber hinaus ist $\mathbf{y} = s \cdot (-\sin(\alpha), \cos(\alpha))^T$ und es lässt sich die Parametrisierung aus 2.25 mit Gleichung (2.8)

$$\mathbf{x} = r \cdot \boldsymbol{\theta} + \mathbf{y} = r \cdot \mathbf{n}_{\boldsymbol{\theta}}^{\perp} + s \cdot \mathbf{n}_{\boldsymbol{\theta}}^{\gamma} = \gamma_{\boldsymbol{\theta}}^r$$

der heuristischen Parametrisierung eines Röntgenstrahls vergleichen. Es ergibt sich eine trigonometrischen Summe, was der Hintergrund dafür ist, dass ein Projektionsdatensatz einer 2D Schicht wie in Abbildung 2.6 und 2.7 auch *Sinogramm* genannt wird. \square

Beispiel Sei nun die bivariate Gauß-Funktion als analytisches Beispiel für einen Schwächungskoeffizient gegeben

$$\mu_G(x, y) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{1}{2}(x^2 + y^2)\right), \quad (2.26)$$

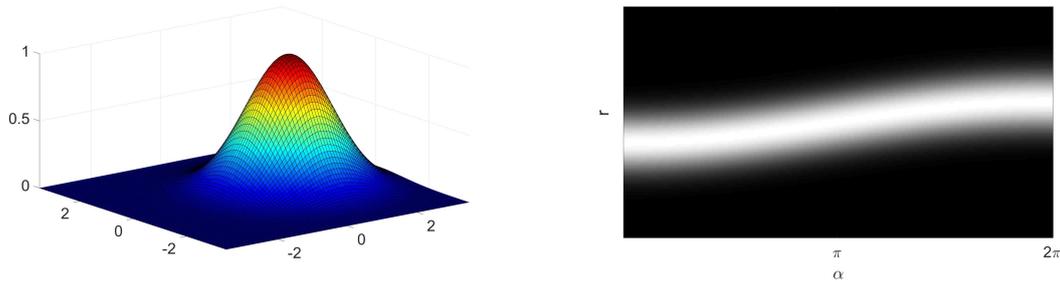
dann ergibt sich die Beziehung $x^2 + y^2 = r^2 + s^2$ und die Radon-Transformierte

$$\begin{aligned} p_{\boldsymbol{\theta}}(r) &= \mathcal{R}\mu_G(r, \boldsymbol{\theta}) = \langle \delta_{\kappa_r}, \mu_G \rangle \\ &= \exp\left(-\frac{1}{2}r^2\right) \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_{\mathbb{R}} \exp\left(-\frac{1}{2}s^2\right) ds = \exp\left(-\frac{1}{2}r^2\right), \end{aligned}$$

die aufgrund der Rotationssymmetrie für jeden Blickwinkel α invariant die Gauß-Funktion ist. \square

Satz 2.3.1: Fourier-Scheiben-Theorem

Es sei $\mathcal{R}\mu : \mathcal{S}(\mathbb{R}^m) \rightarrow \mathcal{S}(\mathcal{Z})$ die Radon-Transformierte des Schwächungskoeffizienten $\mu \in \mathcal{S}(\mathbb{R}^m)$, dann entspricht die 1D Fourier-Transformierte der Radon-Transformation $\mathcal{R}\mu(u, \boldsymbol{\theta})$ bezüglich des ersten Arguments der m -dimensionalen Fourier-Transformierten des Schwächungskoeffizienten $\hat{\mu}(u \cdot \boldsymbol{\theta})$.



(a) Hyperflächenabbildung des Schwächungskoeffizienten $\mu_g(x, y)$ im \mathbb{R}^3 . (b) Das Sinogramm zeigt die Grauwerte der Projektionen $p_\theta(r)$ entlang der r -Achse.

Abbildung 2.6.: Sinogramm von einem verschobenen Gauss:

Berechnet man die Radon-Transformation für den Schwächungskoeffizienten $\mu_g(x, y) = \exp\left(-\frac{1}{2}((x - 1)^2 + y^2)\right)$ für die Blickwinkel $0 \leq \alpha < 2\pi$, so erkennen wir, dass sich die Grauwerte sinusförmig entlang α bewegen.

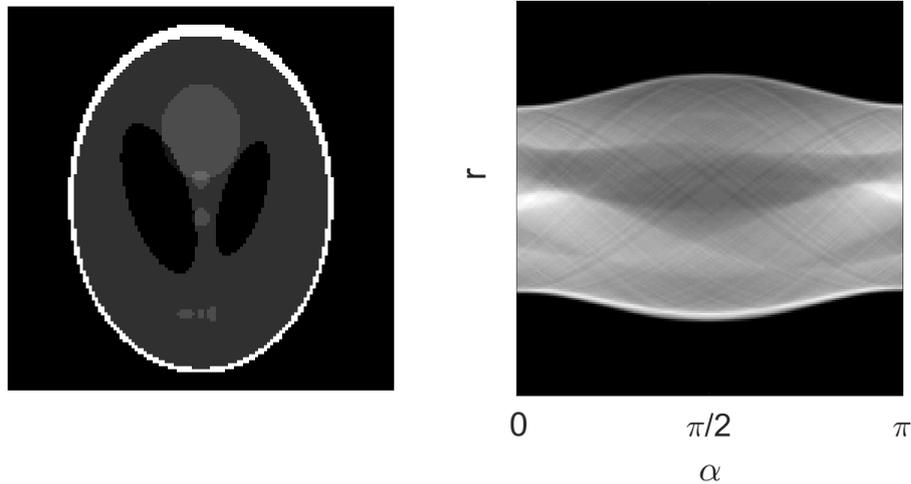


Abbildung 2.7.: Sinogramm des Shepp-Logan Phantoms:

Die Radon-Transformation lässt sich dann natürlich auch für ein komplexeres 2D Bild berechnen. Auf der linken Seite sehen wir das nach Shepp und Logan benannte Shepp-Logan Phantom, das in der CT-Forschung weit verbreitet ist und oft für erste numerische Experimente genutzt wird. Rechts ist, wie in Abbildung 2.6, das zugehörige Sinogramm zu sehen.

Beweis Es soll, kurz gesagt, gezeigt werden, dass

$$\widetilde{\mathcal{R}}\mu(u, \boldsymbol{\theta}) = \widehat{\mu}(u \cdot \boldsymbol{\theta}) \quad (2.27)$$

gilt. Mit dem Einsetzen der Gleichung (2.24) und analoger Parametrisierung $\mathbf{x} = r \cdot \boldsymbol{\theta} + \mathbf{y}$ folgt

$$\begin{aligned} \widetilde{\mathcal{R}}\mu(u, \boldsymbol{\theta}) &= \int_{\mathbb{R}} \mathcal{R}\mu(r, \boldsymbol{\theta}) \exp(-2\pi i u r) dr \\ &= \int_{\mathbb{R}} \left(\int_{\mathbf{H}(0, \boldsymbol{\theta})} \mu(r \cdot \boldsymbol{\theta} + \mathbf{y}) d\delta_{\kappa_0} \right) \exp(-2\pi i u r) dr \\ &= \int_{\mathbf{H}(0, \boldsymbol{\theta})} \int_{\mathbf{H}(r, \boldsymbol{\theta})} \mu(\mathbf{x}) \exp(-2\pi i u \langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta} \rangle) d\delta_{\kappa_r} d\delta_{\kappa_0} \\ &= \int_{\mathbb{R}^m} \mu(\mathbf{x}) \exp(-2\pi i u \langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta} \rangle) d\mathbf{x} = \widehat{\mu}(u \cdot \boldsymbol{\theta}). \end{aligned}$$

□

Zusammengefasst ist die Radon-Transformation also ein Schwächungsprofil mit einer zum Blickwinkel α orthogonal gerichteten Betrachtungsperspektive, wie in Abbildung 2.3 bereits mit den Grauwerten angedeutet. Das Fourier-Scheiben-Theorem laut Gleichung (2.27) besagt nun, dass die 1D-Fourier-Transformierte des Projektionsprofils unter einem festen Blickwinkel α mit einem Radialstrahl des Schwächungskoeffizienten im n-dimensionalen Fourier-Raum identifiziert werden kann.

Die Grundsatzfrage: *Können wir ein 3D tomographisches Bild rekonstruieren, wenn wir hinreichend viele verschiedene Extinktionen vorliegen haben?* ist daher analytisch mit *Ja!* zu beantworten!

Denn unter der Annahme von Parallelstrahlgeometrie sollte es daher mit einer 180°-Aufnahme einer 2D Schicht möglich sein, den 2D Fourier-Raum mit unendlich vielen Fourier-Transformierten Projektionen zu füllen, sodass die 2D inverse Fourier-Transformation das gewünschte CT-Bild rekonstruiert und damit entsprechend zeigt, dass die Radon-Transformation invertierbar ist.

Bemerkung Ein weiteres weiterführendes Werk ist das Buch von Ehrenpreis und Press [EP03], welches einen tieferen analytischen Einblick in die Radon-Transformation und in das Themengebiet der Integralgeometrie bietet. □

Die gefilterte Rückprojektion

Algorithmisch liefert die schnelle Fourier-Transformation (FFT engl. von *fast Fourier transform*) ein probates Mittel, um die einzelnen 1D Fourier-Transformierten Projektionen zu berechnen. Jedoch entspricht jeder daraus erlangte Strahl, wie schon erwähnt, einem Radialstrahl in Polarkoordinaten auf einem kartesischen Gitter im Fourier-Raum, sodass der 2D-Fourier-Transformierte Schwächungskoeffizient radial abgetastet wird. Die Abtastung des Objekts im Fourier-Raum hängt wiederum direkt von der Anzahl der Blickwinkel beziehungsweise Projektionen ab und damit proportional von der Röntgendosis. Eine stabile Rekonstruktion mit einer direkten Anwendung⁸ würde hier entweder eine *komplexe* Interpolationsstrategie, die beispielsweise in [Nat01] diskutiert wird, oder eine verallgemeinerte

⁸Eine "direkte" Rekonstruktion der Fourier-Transformierten Projektion mit der 2D inversen Fourier-Transformation wird auch *direkte Fourier-Methode* genannt.

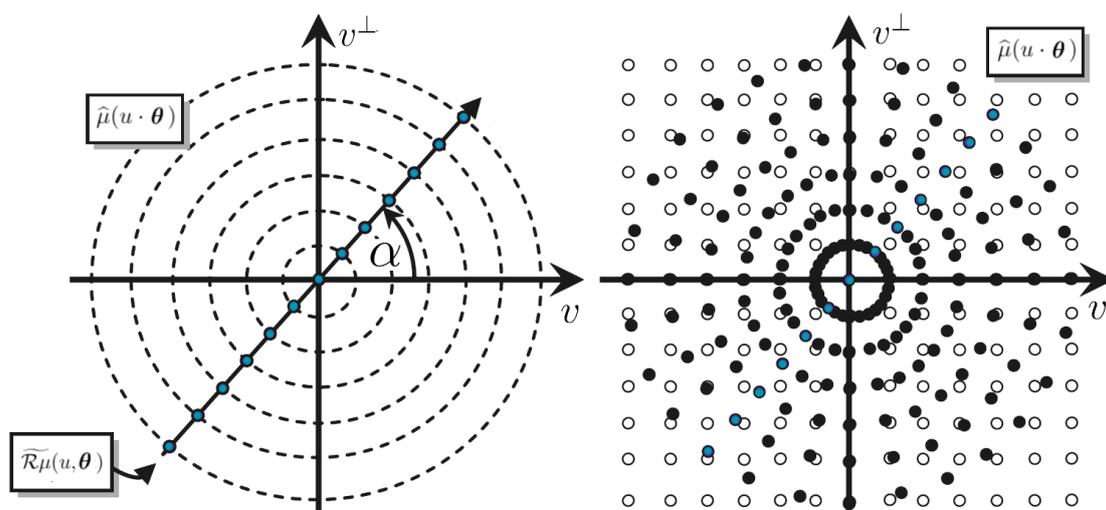


Abbildung 2.8.: Fourier-Scheiben-Theorem für 2D (Bildvorlage entstammt [Buz08]):

Entsprechend zum Fourier-Scheiben-Theorem sehen wir hier auf der linken Seite einen Radialstrahl, der der 1D Fourier-Transformierten Projektion entspricht und mit den Koordinaten $(v, v^\perp)^T = u \cdot (\cos(\alpha), \sin(\alpha))^T$ in den 2D Fourier-Raum eingetragen wird. Auf der rechten Seite deuten die hohlen Punkte das kartesische Gitter im Fourier-Raum an. Die vollen Punkte sind exemplarische Abtastpunkte und wurden von den korrespondierenden Radialstrahlen abgetragen. Es wird hier insbesondere verdeutlicht, dass die Abtastfrequenz mit dem Entfernen vom Ursprung stetig abnimmt, wodurch ein gleichmäßig abgetastetes rekonstruiertes CT-Bild (vorerst) nicht zu erwarten ist. Insbesondere im Außenraum sind die radial-positionierten Abtastpunkte nicht eindeutig den (benötigten) kartesischen zuzuordnen, wodurch die Anwendung einer inversen 2D Fouriertransformation erschwert wird.

FFT, wie sie mit der Chirp-Z-Transformation in [Buz08] erklärt wird, benötigen, da die inverse 2D FFT kartesische Koordinaten erwartet.

Die für die Anwendung verbreitetste Methode verfolgt die Idee, das 2D kartesische Gitter im Fourier-Raum mit der Transformationsformel ebenfalls auf Polarkoordinaten zu überführen, um die algorithmischen Probleme zu umgehen.

Sei also, wie in Abbildung 2.8, die Polarkoordinatentransformation

$$\mathbf{v} := (v, v^\perp)^T = u \cdot \boldsymbol{\theta} \quad (2.28)$$

mit der Summation über $-\infty < u < \infty$ und $0 \leq \alpha < \pi$ gegeben, so folgt für einen (bivariaten) Schwächungskoeffizienten mit der Funktionaldeterminante $d\mathbf{v} = |\det(\mathbf{D}(\boldsymbol{\theta}))| du d\alpha = |u| du d\alpha$

$$\begin{aligned} \mu(\mathbf{x}) &= \int_{\mathbb{R}^2} (\mathcal{F}\mu(\mathbf{v})) \exp(2\pi i \langle \mathbf{x}, \mathbf{v} \rangle) d\mathbf{v} \\ &= \int_0^\pi \int_{\mathbb{R}} \widehat{\mu}(u \cdot \boldsymbol{\theta}) \exp(2\pi i u \langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta} \rangle) |u| du d\alpha \\ &\stackrel{\text{(Gleichung (2.27))}}{=} \int_0^\pi \int_{\mathbb{R}} \widetilde{\mathcal{R}\mu}(u, \boldsymbol{\theta}) |u| \exp(2\pi i u \langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta} \rangle) du d\alpha \\ &= \int_0^\pi \mathcal{F}^{-1}(\widetilde{p_\theta}(u)|u|) d\alpha = \int_0^\pi g(\langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta} \rangle, \boldsymbol{\theta}) d\alpha, \end{aligned} \quad (2.29)$$

eine Inversionsformel, die die radiale Geometrie der Radon-Transformierten im 2D Fourier-Raum mitberücksichtigt. Der gewünschte Schwächungskoeffizient kann dabei aus Projektionen aus einer 180° -Aufnahme durch eine inverse Fourier-Transformation und Berechnung des äußeren Integrals rekonstruiert werden.

Das bedeutet, dass wir noch einen Operator benötigen, der von unserem $\mathcal{S}(\mathcal{Z})$ dem Projektionsraum die gefilterten Projektionen $g_\theta(r) := g(\langle x, \boldsymbol{\theta}_n \rangle, \boldsymbol{\theta}_n)$ wieder in den Volumenraum $\mathcal{S}(\mathbb{R}^m)$ unseres Schwächungskoeffizienten *zurückprojiziert*.

Lemma 2.3.1: Rückprojektion

Es sei eine Projektion $p_\theta \in \mathcal{S}(\mathcal{Z})$ gegeben, dann ist im Fall $m = 2$ der adjungierte Operator $\mathcal{R}^H : \mathcal{S}(\mathcal{Z}) \rightarrow \mathcal{S}(\mathbb{R}^2)$ der Radon-Transformation mit

$$\left(\mathcal{R}^H p_\theta \right) (\mathbf{x}) = \int_0^\pi p(\langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta} \rangle, \boldsymbol{\theta}) d\alpha \quad (2.30)$$

gegeben.

Die Adjungierte $\mathcal{R}^H p_\theta(\mathbf{x})$ werden wir des Weiteren auch als Rückprojektion bezeichnen.

Beweis Es soll also für einen Schwächungskoeffizienten $\nu \in \mathcal{S}(\mathbb{R}^2)$ gezeigt werden, dass für eine Projektion $p_\theta \in \mathcal{S}(\mathcal{Z})$ der adjungierte Operator $\mathcal{R}^H g_\theta(\mathbf{x})$ durch

$$\langle \mathcal{R}\nu, p_\theta \rangle_{\mathcal{S}(\mathcal{Z})} = \langle \nu, \mathcal{R}^H p_\theta \rangle_{\mathcal{S}(\mathbb{R}^2)}$$

definiert wird.

Wir setzen in das Skalarprodukt

$$\langle \mathcal{R}\nu, p_\theta \rangle_{\mathcal{S}(\mathcal{Z})} = \int_0^\pi \int_{\mathbb{R}} \mathcal{R}\nu(r, \boldsymbol{\theta}) \cdot p_\theta(r) dr d\alpha$$

die Definition der Radon-Transformation ein, sodass wir

$$\begin{aligned}
 & \int_0^\pi \int_{\mathbb{R}} \left(\int_{H(\alpha,r)} \nu(\mathbf{x}) \, d\delta_{\kappa_r} \right) \cdot p_\theta(r) \, dr d\alpha \\
 &= \int_0^\pi \int_{H(\alpha,r)} \int_{H(\alpha,0)} \nu(\mathbf{x}) \cdot p_\theta(\langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta} \rangle) \, d\delta_{\kappa_0} d\delta_{\kappa_r} d\alpha \\
 &= \int_{\mathbb{R}^2} \nu(\mathbf{x}) \int_0^\pi p(\langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta} \rangle, \boldsymbol{\theta}) \, d\alpha d\mathbf{x} = \int_{\mathbb{R}^2} \nu(\mathbf{x}) \left(\mathcal{R}^H p_\theta \right) d\mathbf{x} \\
 &= \langle \nu, \mathcal{R}^H p_\theta \rangle_{\mathcal{S}(\mathbb{R}^2)}
 \end{aligned}$$

erhalten. Schließlich definiert die Gleichung (2.29) den adjungierten Operator aus Gleichung (2.30) als Rückprojektion. Weiter bekommen wir durch die Fourier-Transformation der Gleichung (2.29)

$$\widehat{\mu}(u) = |u| \cdot \mathcal{R}^H \left(\widetilde{\mathcal{R}\mu}(u, \boldsymbol{\theta}) \right)$$

eine gefilterte Version des Fourier-Scheiben-Theorems mit Gleichung (2.27). \square

Die Gleichung (2.29) liefert zusammen mit der Gleichung (2.30) die fundamentale Formel

$$\left(\mathcal{R}^H g_\theta \right) (\mathbf{x}) = \int_0^\pi g(\langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta} \rangle, \boldsymbol{\theta}) \, d\alpha = \int_0^\pi \mathcal{F}^{-1}(\tilde{p}_\theta(u)|u|) \, d\alpha = \mu(\mathbf{x}) \quad (2.31)$$

der sogenannten *analytischen Rekonstruktionstechniken*.

Vergleichen wir die Gleichung (2.29) mit dem Abtastmuster, illustriert in Abbildung 2.8, so werden die Frequenzkomponenten proportional zum Betrag ihrer Frequenz gewichtet. Es werden die Projektionen durch die Multiplikation mit der Betragsfunktion im Fourier-Raum gefiltert und schließlich in den Volumenraum zurückprojiziert.

Daher auch der Name *gefilterte Rückprojektion* oder (engl.) *filtered back projection (FBP)*.

Bemerkung Wie gezeigt wurde, handelt es sich hier um keinen heuristischen Filter, sondern die Funktionaldeterminante $|\det(\mathbf{D}(\boldsymbol{\theta}))| = |u|$ ist ein analytisches Resultat der Transformationsformel. \square

Analytische Rekonstruktionstechniken

Jedoch bewirkt die Filterung in der Praxis, dass diese auch Messfehler (Rauschen), beispielsweise durch Quantenrauschen, verursacht und in den Projektionen verstärkt. Das liegt daran, dass das Rauschen im Frequenzspektrum (auch Fourier-Spektrum genannt) typischerweise im hochfrequenten Bereich angesiedelt ist. Ergo werden den Messfehlern hohe Werte der Betragsfunktion $|u|$ zugeordnet und mit denen in Gleichung (2.31) multipliziert. Dies führt zu einer unerwünschten Verfälschung der CT-Rekonstruktion (Artefakte) und weist darauf hin, dass die FBP-Formel aus Gleichung (2.29) störanfällig gegenüber Rauschen ist. Es ist daher sinnvoll, Gleichung (2.29) weiter in eine kartesische Darstellung zu überführen, indem man ausnutzt, dass die Multiplikation im Fourier-Raum einer Faltung im Ortsraum entspricht. Ziel ist es dabei, den Einfluss des Filters auf das CT-Bild zu analysieren.

Nehmen wir an, dass eine Funktion $f^B \in L^1(\mathbb{R})$ existiert, deren 1D Fourier-Transformation

$\widetilde{f^B}(u) := |u|$ die Betragsfunktion ergibt.

Dann würde folgen, dass

$$\begin{aligned}\mu(\mathbf{x}) &= \mathcal{R}^H \left(\mathcal{F}^{-1} (\widetilde{p_\theta}(u) \cdot |u|) \right) (\mathbf{x}) \\ &= \mathcal{R}^H \left(\mathcal{F}^{-1} \left(\mathcal{F} (p_\theta * f^B) \right) \right) (\mathbf{x}) = \mathcal{R}^H (p_\theta * f^B) (\mathbf{x})\end{aligned}\quad (2.32)$$

gilt. Leider existiert keine L^1 -Funktion, die $f^B(x) = \int_{\mathbb{R}} |u| \exp(2\pi i x u) du$ erfüllt, was uns dazu motiviert die FBP-Formel analytisch etwas zu entschärfen.

Bemerkung Die inverse Fourier-Transformation der Betragsfunktion ließe sich natürlich auf dem Dualraum $\mathcal{S}'(\mathcal{Z})$ definieren, da Projektionen mit $p_\theta \in \mathcal{S}(\mathcal{Z})$ Schwartz-Funktionen darstellen. Das würde uns aber bei dem genannten Problem nicht weiterbringen. \square

Definition 2.3.4: Bandlimitierte Funktion

Eine Funktion $f^B \in L^1(\mathbb{R})$ heißt bandlimitiert, wenn ihre Fourier-Transformierte $\widetilde{f^B}$ einen kompakten Träger besitzt.

Es gelte demnach wegen $\widetilde{f^B}(u) = 0$ für alle $u \notin [-L, L] \subseteq \mathbb{R}$ und

$$f^B(x) = \int_{-L}^L \widetilde{f^B}(u) \exp(2\pi i x u) du.$$

Ist demnach eine Funktion bandlimitiert, so werden alle Werte (beziehungsweise Frequenzen), die eine vorgegebene Frequenzgrenze L im Frequenzspektrum $|\widetilde{f^B}|$ überschreiten, auf Null gesetzt. Limitieren wir die Betragsfunktion durch eine fest vorgegebene Bandbreite, beispielsweise durch eine Faltung im Fourier-Raum mit der Rechtecksfunktion dargestellt, mit einer modifizierten Heaviside-Funktion

$$\widetilde{f^{RL}}(u) := |u| \cdot H(L - |u|) = \begin{cases} |u|, & \text{für } |u| \leq L \\ 0, & \text{für } |u| > L \end{cases}\quad (2.33)$$

oder ersetzen diese gar durch den Cosinus-Filter

$$\widetilde{f^C}(u) := |u| \cdot \cos\left(\frac{\pi u}{2L}\right) \cdot H(L - |u|),$$

sodass wir Tiefpassfilter, wie in Abbildung 2.9 illustriert, erhalten, die dem Rauschen entgegen wirkt.

Ein weiteres Beispiel für eine Filterfunktion ist der auf der sinc-Funktion basierende Shepp-Logan-Filter

$$\widetilde{f^{SL}}(u) := |u| \cdot \frac{2L}{\pi u} \sin\left(\frac{\pi u}{2L}\right) \cdot H(L - |u|).$$

Die Tiefpassfilterung kann daher, wie auch weit verbreitet, mit dem Rückgriff auf die FFT⁹ oder mit der Faltung der Approximation bezüglich der Gleichung (2.32)

$$g_\theta(r) \approx g^B(r, \theta) = (p_\theta * f^B)(r) = \int_{\mathbb{R}} p_\theta(r - r') \cdot f^B(r') dr' \quad (2.34)$$

im Ortsraum implementiert werden. Es sei die Anzahl der Abtastpunkte N ebenfalls die der gemessenen Projektionen p_θ , die auf einer Halbkreistrajektorie mit einer Abtastrate von

⁹Die FFT benötigt bei N Abtastpunkten bekannterweise $\mathcal{O}(\log(N)N)$ Rechenoperationen.

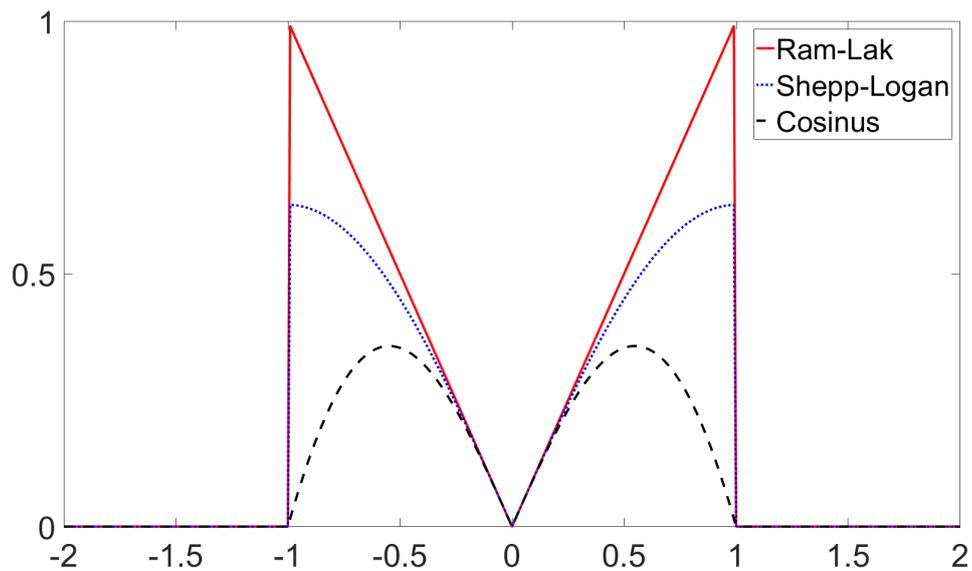


Abbildung 2.9.: Tiefpassfilter mit Grenzfrequenz $L = 1$:

Der Ram-Lak-, Shepp-Logan- und Cosinus-Filter sind wohl die drei bekanntesten CT-Beispiele für Tiefpassfilter. Während der Ram-Lak-Filter durch hartes Abschneiden scharfe Kanten wie Übergänge von Knochen zu Gewebe verstärkt, wird der Cosinus-Filter vorzugsweise gewählt, wenn beispielsweise die Weichkontrastauflösung im Vordergrund steht. Der Shepp-Logan-Filter stellt einen Kompromiss der beiden eben genannten Filter dar. Hintergrund dieser Variationsmöglichkeit ist der, dass das CT-Bild als bandlimitiert angenommen wird. Dies stellt aber lediglich eine Approximation der in der Regel bandunlimitierten Natur dar und es können so Artefakte durch unerwünschte Verstärkungen der Kanten entstehen. Durch die empirische Wahl eines geeigneten Tiefpassfilters kann so den Artefakten heuristisch entgegengewirkt werden.

$h_N = \frac{\pi}{N}$ äquidistant aufgenommen wurden. Dann können wir mit den Blickwinkeln $\alpha_n = nh_N$ für $n = 0, \dots, N-1$ in 2D eine gefilterte Rückprojektion mit $\boldsymbol{\theta}_n := (\cos(\alpha_n), \sin(\alpha_n))^T$ durch

$$\mu(\mathbf{x}) \approx \frac{\pi}{N} \sum_{n=0}^{N-1} g^B(\langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}_n \rangle, \boldsymbol{\theta}_n) \quad (2.35)$$

berechnen.

Für eine einfache FBP-Rekonstruktion können schließlich die nun gefilterten Extinktionen entlang ihres korrespondierenden Röntgenstrahls gleichmäßig auf die Voxel, die der Strahl durchquert hat, zurückprojiziert werden. Mit der Parallelstrahlgeometrie, die wir zu Beginn vorausgesetzt haben, kann man sich das so vorstellen, dass alle Projektionswerte unter einem festen Blickwinkel α mit einem breiten Pinsel entlang der Strahlen auf das CT-Bild *zurückgeschmiert* werden. Die Überlagerung der Rückprojektionen aus allen Blickwinkeln ergibt dann die FBP-Rekonstruktion. Aus dem Sinnbild des Rückschmierens, wie in Abbildung 2.10 illustriert, wird schnell ersichtlich, dass eine ungefilterte¹⁰ Rückprojektion $\mathcal{R}^T p_\theta$ kein scharfes Bild erzeugen kann. Dennoch stellt sie einen wohldefinierten Operator dar, der vom Projektionsraum $\mathcal{S}(\mathcal{Z})$ in den Volumenraum $\mathcal{S}(\mathbb{R}^m)$ abbildet und ihre Anwendung in den *Algebraischen Rekonstruktionstechniken* findet.

Bevor wir aber diese diskutieren wollen, ergibt sich zunächst die Frage, ob unsere analytisch gestellte *Grundsatzfrage* auch technisch¹¹ realisierbar ist. Insbesondere stellt aus medizinischer Sicht die mit der Anzahl an Projektionen korrelierende Patientendosisbelastung einen zentralen Punkt dar. Denn zum einen möchte man ein CT-Bild rekonstruieren, welches eine effiziente medizinische Diagnostik ermöglicht und zum anderen wird stets die Reduktion der gesundheitsgefährdenden Röntgendosis angestrebt.

Liegt nun die Annahme zu Grunde, dass die Projektionen und damit auch der Schwächungskoeffizient bandlimitiert ist, d. h. wir approximieren

$$\hat{\mu} \approx \mathcal{R}^H \mathcal{F}(p_\theta * f^B) =: \mathcal{R}^H \mathcal{F}(p_\theta^B) = \hat{\mu}^B,$$

dann brauchen wir eine Aussage darüber, mit welchen Konsequenzen wir bei einer hohen Auflösung des CT-Bilds rechnen müssen.

Das Nyquist-Theorem¹², welches auch als Shannon-Whittaker-Theorem bekannt ist, gibt Aufschluss darüber, wie genau ein CT-System abtasten muss, wenn wir die diskutierte analytische Rekonstruktionstechnik verwenden wollen. Es beantwortet die grundsätzliche Frage, ob wir überhaupt in der Lage sind, ein bandlimitiertes CT-Bild aus einer zunächst beliebigen aber diskreten Menge an Projektionen zu rekonstruieren.

Satz 2.3.2: Nyquist-Theorem

Es sei die Funktion $f^B \in L^1(\mathbb{R})$ bandlimitiert, sodass $\mathcal{F}(f^B)$ als eine stetige Funktion mit kompaktem Träger auf dem Intervall $[-L, L]$ identifiziert werden kann. Dann kann die Funktion f^B mit der diskreten Menge an Messwerten $\{f^B(j\frac{\pi}{L})\}_{j \in \mathbb{Z}}$ durch

$$f^B(x) = \sum_{j \in \mathbb{Z}} f^B\left(\frac{j\pi}{L}\right) \frac{\sin(Lx - j\pi)}{Lx - j\pi} = \sum_{j \in \mathbb{Z}} f^B(jh_\nu) \operatorname{sinc}(xh_\nu - j\pi) \quad (2.36)$$

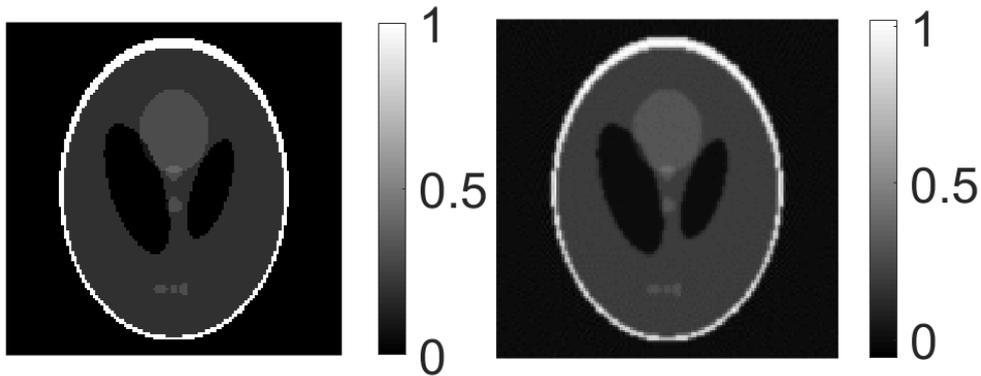
mit $\operatorname{sinc}(0) = 1$ und $\operatorname{sinc}(j\pi) = 0$ rekonstruiert werden.

Die Schrittweite $h_\nu = \frac{\pi}{L}$ ist als Nyquist-Abtastrate bekannt.

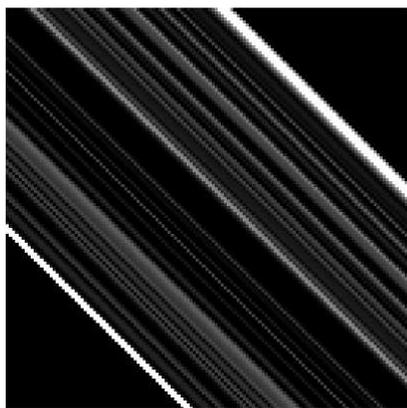
¹⁰Die Wahl der Adjektive *gefiltert* und *ungefiltert* orientiert sich also an der Verarbeitung der Projektionen.

¹¹Demnach hieße die Frage: "Können wir ein 3D tomographisches Bild rekonstruieren, wenn wir nur eine diskrete Menge an gemessenen Extinktionen vorliegen haben?"

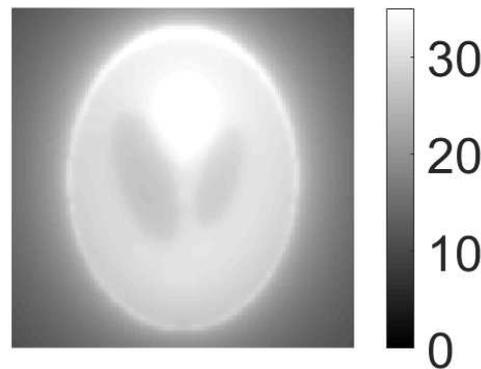
¹²Für Details wird an dieser Stelle auf das Buch von Epstein [Eps08, Kapitel 8] verwiesen.



- (a) Wir sehen links das Shepp-Logan-Phantom, aus dem wir wie in Abbildung 2.7 Projektionen berechnet haben. Die Projektionen wurden mit dem Ram-Lak-Filter gefiltert und dann rückprojiziert. Das Resultat sehen wir rechts und ist ein scharfes rekonstruiertes Bild, welches sowohl qualitativ als auch in Grauwerten übereinstimmt.



- (b) Gefilterte Rückprojektion aus 45° . Die Rückprojektion lax auch Rückschmier (engl.) *back smearing* genannt.



- (c) Die rückprojizierten Grauwerte einer ungefilterten Rückprojektion werden lediglich überlagert und stimmen in der Rekonstruktion nicht mehr mit denen des Phantoms überein.

Abbildung 2.10.: Vergleich zwischen einer gefilterten und einer ungefilterten Rückprojektion aus 180 Projektionen, beziehungsweise äquidistant verteilten Blickwinkeln $0^\circ \leq \alpha < 180^\circ$ (Vorbild für diese Bilderserie war das Vorlesungsskript von Professor Dr. Armin Iske [5]):

Wir greifen wieder auf das Shepp-Logan-Phantom aus Abbildung 2.7 zurück und rekonstruieren es einmal mit einer (Ram-Lak-) Filterung und einmal ungefiltert. Dadurch dass die Extinktionen äquidistant über alle Voxel entlang eines Strahls verteilt werden, bekommen bei einer ungefilterten Rückprojektion auch unbeteiligte Voxel einen von Null verschiedenen Wert zugewiesen. Dadurch wirkt das CT-Bild qualitativ *verschmiert*, was man (engl.) *blurring* nennt.

Beweis Interpretieren wir die Fourier-Transformierte \widetilde{f}^B als $2L$ -periodische Signalfunktion, dann ergibt sich mit den entsprechenden Fourier-Koeffizienten

$$c_j = \frac{1}{2L} \int_{-L}^L \widetilde{f}^B(u) \exp(-2j \frac{\pi}{2L} iu) du,$$

die Reihenentwicklung

$$\widetilde{f}^B(u) = \sum_{j \in \mathbb{Z}} c_j \exp(2j \frac{\pi}{2L} iu) = \sum_{j \in \mathbb{Z}} c_{-j} \exp(-2j \frac{\pi}{2L} iu)$$

mit der Frequenzdichte

$$\begin{aligned} c_{-j} &= \frac{1}{2L} \int_{-L}^L \widetilde{f}^B(u) \exp(2j \frac{\pi}{2L} iu) du \\ &= \frac{1}{2L} \int_{\mathbb{R}} \widetilde{f}^B(u) \exp(2j \frac{\pi}{2L} iu) H(L - |u|) du = \frac{1}{2L} f^B(2j \frac{\pi}{2L}). \end{aligned}$$

Wir können demnach die Messwerte $f^B(j \frac{\pi}{L}) = 2L c_{-j}$ als Fourier-Koeffizienten interpretieren, die die Werte der Fourier-Transformation mit einer Abtastrate von $\frac{1}{2L}$ darstellen.

Es gilt daher für eine bandlimitierte $L^1(\mathbb{R})$ -Funktion f^B , dass wir \widetilde{f}^B periodisch betrachten und setzen dafür die Funktion außerhalb von $[-L, L]$ auf Null. Folglich nehmen wir $\widetilde{f}^B(u) = \widetilde{f}^B(u) H(L - |u|)$ an.

So ergibt sich dann

$$\begin{aligned} f^B(x) &= \mathcal{F}^{-1}(\widetilde{f}^B)(x) = \mathcal{F}^{-1}(\widetilde{f}^B(u) H(L - |u|))(x) \tag{2.37} \\ &= \mathcal{F}^{-1} \left(\sum_{j \in \mathbb{Z}} c_{-j} \exp(-2j \frac{\pi}{2L} iu) H(L - |u|) \right) (x) \\ &= \sum_{j \in \mathbb{Z}} c_{-j} \int_{\mathbb{R}} \exp(-j \frac{\pi}{L} iu) H(L - |u|) \exp(2\pi iux) du \\ &= \sum_{j \in \mathbb{Z}} \frac{1}{2L} f^B(j \frac{\pi}{L}) \int_{-L}^L \exp((Lx - j\pi) \frac{i u}{L}) du \\ &= \sum_{j \in \mathbb{Z}} f^B(j \frac{\pi}{L}) \frac{\sin(Lx - j\pi)}{Lx - j\pi} \end{aligned}$$

das Nyquist-(Abtast-)Theorem und ist auf eine Darstellung mit der sinc-Funktion wie in Abbildung 2.11 überführbar. \square

Beispiel Für den Filter aus Gleichung (2.33) folgt mit $L = 1$ und durch partielle Integration die bandlimitierte Funktion

$$\begin{aligned} f^{RL}(x) &= \int_{-1}^1 |u| \exp(2\pi iux) du = \int_{-1}^1 |u| (\cos(2\pi ux) + i \sin(2\pi ux)) du \\ &= 2 \int_0^1 u \cos(2\pi ux) du = 2 \left(\frac{\sin(2\pi x)}{2\pi x} + \frac{\cos(2\pi x) - 1}{(2\pi x)^2} \right), \tag{2.38} \end{aligned}$$

welche nach Ramachandran und Lakshminarayanan kurz Ram-Lak-Filter benannt wurde dargestellt in Abbildung 2.12). Aufgrund der Ähnlichkeit zur Betragsfunktion und der späteren Folgerung in 2.42 ist er auch als idealer Filter bekannt. Diese Bezeichnung ist jedoch

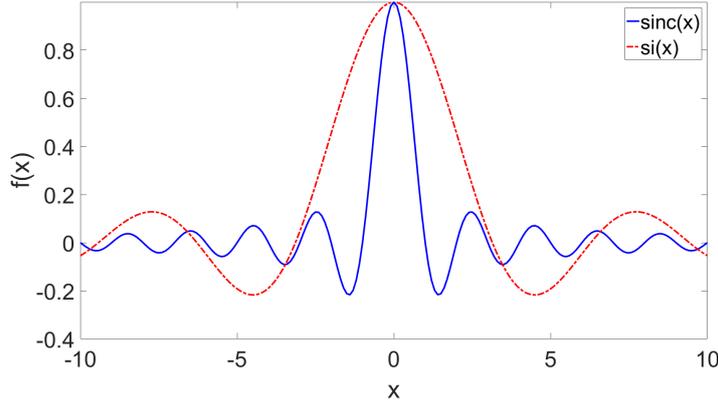


Abbildung 2.11.: Die Sinc-Funktion:

Zur Illustration, der schon oft genannten sinc-Funktion, sehen wir hier die Funktionen $\text{si}(x) := \frac{\sin(x)}{x}$ in Rot und $\text{sinc}(x) := \frac{\sin(\pi x)}{\pi x}$ in Blau.

nicht unmittelbar mit der CT-Bildqualität korrelierbar.

Sei weiter $2\pi x_n := \pi n = h_\nu n$ für $n \in \{0, \dots, N-1\}$, dann ergibt sich für $n > 0$

$$\begin{aligned} f^{RL}(x_n) &= 2 \left(\frac{\sin(2\pi x_n)}{2\pi x_n} + \frac{\cos(2\pi x_n) - 1}{(2\pi x_n)^2} \right) = 2 \left(\frac{\sin(\pi n)}{\pi n} + \frac{\cos(\pi n) - 1}{(\pi n)^2} \right) \\ &= 2 \frac{\cos(\pi n) - 1}{(\pi n)^2} = 2 \frac{(-1)^n - 1}{(\pi n)^2} \end{aligned} \quad (2.39)$$

und für $x_0 = 0$ nach l'Hospital

$$\begin{aligned} f^{RL}(0) &= \lim_{x \rightarrow 0} 2 \left(\frac{\sin(2\pi x)}{2\pi x} + \frac{\cos(2\pi x) - 1}{(2\pi x)^2} \right) \\ &= 2 \left(\frac{2\pi \cos(0)}{2\pi} + \lim_{x \rightarrow 0} \frac{-2\pi \sin(2\pi x)}{2(2\pi)^2 x} \right) = 2 + \lim_{x \rightarrow 0} \frac{-(2\pi)^2 \cos(2\pi x)}{(2\pi)^2} = 1. \end{aligned}$$

Wollen wir eine beliebige aber bezüglich der Frequenz doppelt so hohe Abtastrate $2\pi x_n = nh_\nu = \frac{n\pi}{L}$ zulassen, dann erhalten wir für Gleichung (2.38) mit dem Additionstheorem $\cos(2x) = 1 - 2\sin^2(x)$

$$\begin{aligned} f^{RL}(x_n) &= 2 \left(L \frac{\sin(2\pi x_n L)}{2\pi x_n} + \frac{\cos(2\pi x_n L) - 1}{(2\pi x_n)^2} \right) = L^2 \left(\frac{\sin(n\pi)}{n\pi} - \frac{2\sin^2(\frac{n\pi}{2})}{(n\pi)^2} \right) \\ &= L^2 \left(\frac{\sin(n\pi)}{n\pi} - \frac{\sin^2(\frac{n\pi}{2})}{2(\frac{n\pi}{2})^2} \right) = L^2 \left(\text{sinc}(n) - \frac{1}{2} \text{sinc}^2\left(\frac{n}{2}\right) \right) \end{aligned} \quad (2.40)$$

die sinc-Darstellung des idealen Filters mit der idealen Abtastrate. \square

Das Nyquist-Theorem ist für die Signalverarbeitung ein fundamentaler Satz und hat viele Folgerungen, denen wir an dieser Stelle nicht nachgehen. Abgesehen davon besagt es, dass man eine bandlimitierte Funktion aus einer diskreten Menge an Messwerten vollständig reproduzieren kann. Jedoch stellt sich noch die Frage danach, wie gut die FBP aus Gleichung (2.35)

$$\mu(\mathbf{x}) \approx h_N \sum_{n=0}^{N-1} g^B(\langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}_n \rangle, \boldsymbol{\theta}_n)$$

das CT-Bild rekonstruiert, wenn wir nur eine endliche Anzahl an Projektionen haben. Also wie viele Projektionen pro 180°-Akquisition aufgenommen werden müssen.

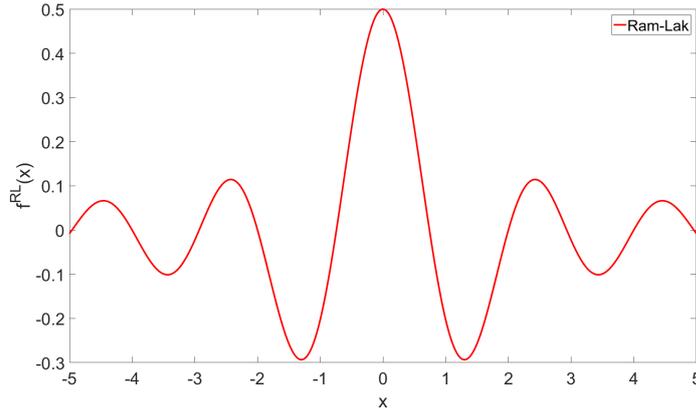


Abbildung 2.12.: Der Ram-Lak-Tiefpassfilter:

Wir sehen hier das Pendant zum Ram-Lak-Tiefpassfilter aus Abbildung 2.9 in der Darstellung aus Gleichung (2.40) mit $f^{RL}(x) = \text{sinc}(x) - \frac{1}{2}\text{sinc}^2(\frac{x}{2})$.

Verwenden wir $2L + 1$ Abtastpunkte pro Projektion und die zusammengesetzte Trapezregel mit einer Schrittweite $h_L = \frac{1}{L}$, um die Faltung aus Gleichung (2.34)

$$\int_{-L}^L p_{\theta_n}(r - r') \cdot f^B(r') dr' \approx \frac{2}{L} \sum_{l=-L}^L p_{\theta_n}(r - r_l) \cdot f^B(r_l) = g_{\theta_n}^B(r)$$

zu berechnen, dann erhalten wir die angepasste FBP-Formel

$$\mu(\mathbf{x}) \approx \frac{\pi}{N} \sum_{n=0}^{N-1} g^B(\langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}_n \rangle, \boldsymbol{\theta}_n) = \frac{2\pi}{NL} \sum_{n=0}^{N-1} \sum_{l=-L}^L p_{\theta_n}(r_l) \cdot f^B(r - r_l). \quad (2.41)$$

Nach dem Nyquist-Theorem muss hier $h_N = h_L = h_\nu$ gelten und es folgt das für die Gleichung (2.41) ideale Abtastverhältnis

$$N = \pi L. \quad (2.42)$$

Verwendet man darüber hinaus den idealen Ram-Lak-Filter $f^B = f^{RL}$, lässt sich zeigen, dass so ein bandlimitiertes CT-Bild exakt aus einer endlichen Datenmenge rekonstruierbar ist. Wir verweisen aber an dieser Stelle auf die Bücher von Natterer [Nat01] sowie Natterer und Wübbeling [NW01] in Verbindung mit Epstein [Eps08], da diese Folgerung eine längere Argumentationskette benötigt.

Gibt man sich eine Grenzfrequenz L oder (engl.) *cut off frequency* vor, dann kann man ein bandlimitiertes CT-Bild stabil rekonstruieren, wenn mindestens mit der Anzahl von $2L = N$ voneinander verschiedene Blickwinkel einer doppelt so hohen Frequenz äquidistant abgetastet werden, als die Grenzfrequenz vorgibt. Wird hingegen zu niedrig abgetastet, entstehen Artefakte, sogenannte aus der Akustik bekannte Aliasing-Fehler, in der CT-Rekonstruktion. Wir erinnern uns daran, dass die Weichteilauflösung ebenfalls im hochfrequenten Bereich wiederzufinden ist. Damit ist nachvollziehbar, dass die Grenzfrequenz mit der Bildauflösung gleich zu setzen ist.

Bei einer fest vorgegebenen Intensität oder Dosisleistung \mathcal{I}_0 bedeutet dies, je höher die gewünschte Auflösung repräsentiert durch Grenzfrequenz L im CT-Bild, desto höher ist auch die Patientendosisbelastung. Somit steht der für die CT-Bildgebung zuständige Radiologe bei der analytischen Rekonstruktionstechnik folgender ambivalenten Problemstellung gegenüber. Es soll ein für die Diagnostik hinreichend adäquates CT-Bild mit möglichst kleiner Dosis generiert werden. Wir hingegen können aus analytischer Sicht lediglich feststellen, dass die Anzahl der Projektionen mit $N = \pi L$ proportional zur Grenzfrequenz als

Rekonstruktionsparameter eingehen sollte, falls die FBP laut Gleichung (2.41) trotz aller Einschränkungen optimal genutzt werden soll.

2.4. Algebraische Rekonstruktionstheorie

Wir halten fest, dass die gefilterte Rückprojektion eine analytische Methode darstellt, die das Fourier-Scheiben-Theorem laut Gleichung (2.27) effizient umsetzt. Sie benötigt nach dem Filterungsschritt lediglich eine Rückprojektionsoperation pro Blickwinkel. Dadurch kann sie, wie wir noch sehen werden, im Vergleich zu den algebraischen Rekonstruktionstechniken einen verhältnismäßig geringen Rechenaufwand aufweisen.

Limitiert werden die betrachteten analytischen Rekonstruktionstechniken durch die Kompromisse, die wir für die algorithmische Umsetzung eingehen mussten. Beispielsweise reduziert eine niedrig angesetzte Grenzfrequenz nach dem Nyquist-Theorem mit Gleichung (2.36) die Anzahl an Projektionen und damit auch die Dosisbelastung. Aber andererseits kann ein zu hartes oder frühes Abschneiden im Frequenzraum trotz Nyquist-Abtaststrategie die unerwünschten Aliasing-Artefakte erzeugen, da die Tomographie eines Menschen nun einmal nicht bandlimitiert ist.

Wir haben also an dieser Stelle zunächst einen Konflikt zwischen Abtaststrategie und CT-Bildaufföschung.

Die ungefilterte Rückprojektion

Erinnern wir uns an die ungefilterte Rückprojektion $\mathcal{R}^T : \mathcal{S}(\mathcal{Z}) \rightarrow \mathcal{S}(\mathbb{R}^2)$, so haben wir schon gesehen, dass das Ergebnis alles andere als überzeugend ist. Jedoch würde ein Rekonstruktionsalgorithmus, der auf diesen Operator zurückgreift, das Potential besitzen, weder von einer äquidistanten Abtast-Schrittweite noch von einer Bandlimitierung abhängig zu sein.

Wir müssten demnach versuchen, das Ergebnis aus Abbildung 2.10 dahin gehend zu verbessern, dass ein CT-Bild entsteht, das sowohl quantitativ als auch qualitativ (zumindest) mit der FBP vergleichbar ist.

Dazu definieren wir uns einen geeigneten Parameter $\omega > 0$, der das ungefilterte CT-Bild auf Werte $\mu(\mathbf{x}) \approx \omega \mathcal{R}^T p_\theta =: \boldsymbol{\mu}$ skaliert, die man a priori erwarten würde. Der simpelste Ansatz, die überlagerten Werte herauszurechnen, wäre sicher ein Differenzbild zwischen dem rekonstruierten und dem, welches wir erwarten würden. Dieses ist natürlich nicht bekannt, daher simulieren wir eine Projektion $\mathbf{p}_\theta := \mathcal{R}\boldsymbol{\mu}$ des skalierten CT-Bilds und wollen diese Operation **Vorwärtsprojektion** nennen. So können wir die Überlagerung zumindest im Projektionsraum berechnen, indem wir die simulierten Projektionen von gemessenen $p_\theta - \mathbf{p}_\theta = \mathcal{R}\mu(\mathbf{x}) - \mathcal{R}\boldsymbol{\mu}$ subtrahieren. Anschließend können wir mit der Differenz inkrementell das CT-Bild $\boldsymbol{\mu} - \omega \mathcal{R}^T(p_\theta - \mathbf{p}_\theta)$ korrigieren. Beschreiben wir die simulierte Projektion $\mathbf{p}_\theta = \mathcal{R}\boldsymbol{\mu}$ explizit mit der Vorwärtsprojektion, so erhalten wir die Fixpunktiteration

$$\boldsymbol{\mu} = \boldsymbol{\mu} - \omega \mathcal{R}^T(p_\theta - \mathcal{R}\boldsymbol{\mu}), \quad (2.43)$$

die als das, nach Landweber [Lan51] benannte, *Landweber-Verfahren* bekannt ist. Wir erkennen anhand Abbildung 2.13 und 2.14, dass das Landweber-Verfahren einen höheren Rechenaufwand im Verhältnis zur FBP hat, aber dafür auch einige entscheidende Vorteile besitzt:

- Im Wesentlichen können wir den Rechenaufwand über das vielfache Aufrufen der Hin- und Rückprojektion bemessen. Vernachlässigen wir den einmaligen Filterungsschritt beispielsweise im Fourier-Raum, dann benötigt die FBP lediglich eine Hin- und Rückprojektion¹³. Das Landweber-Verfahren in Gleichung (2.43) hingegen ruft für jede Iteration diese Operationen auf. Der Mehraufwand im Vergleich zur FBP wächst daher logischerweise proportional zur Anzahl der Iterationen.

¹³Die FBP wird neben der direkten Fourier-Methode ebenfalls als direktes Rekonstruktionsverfahren benannt.

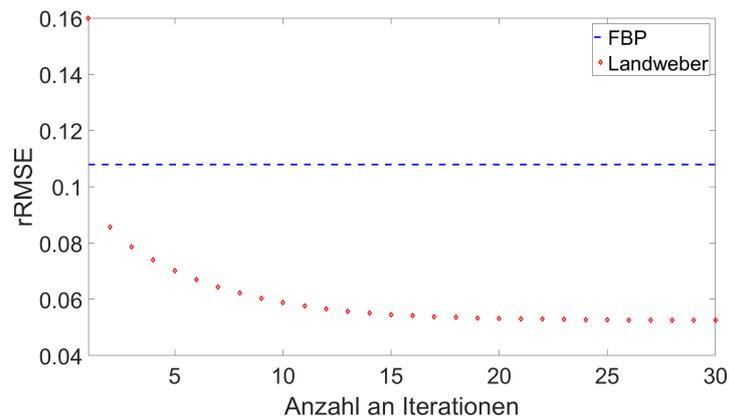
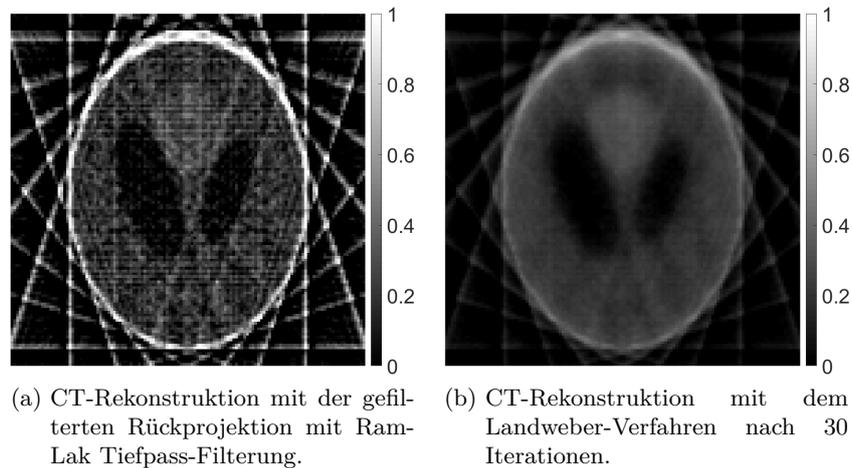


Abbildung 2.13.: Relativer Fehler der Rekonstruktionen:

Sei M die Anzahl der Voxel und berechnet man den relativen quadratischen Fehler (rRMSE vom engl. *Root-mean-squared error*) zwischen der Rekonstruktion μ_{Rek} und dem Shepp-Logan-Phantom μ_{SL} mit $\text{rRMSE} := \frac{\|\mu_{\text{Rek}} - \mu_{\text{SL}}\|}{M}$, dann erkennt man recht schnell, dass zunächst zumindest ein quantitatives Potential besteht, bessere Ergebnisse erzielen zu können. Hier wurde der rRMSE nach jeder Iteration ausgerechnet und entsprechend abgetragen. Die FBP hat im Vergleich dazu natürlich nur eine *Iteration*.

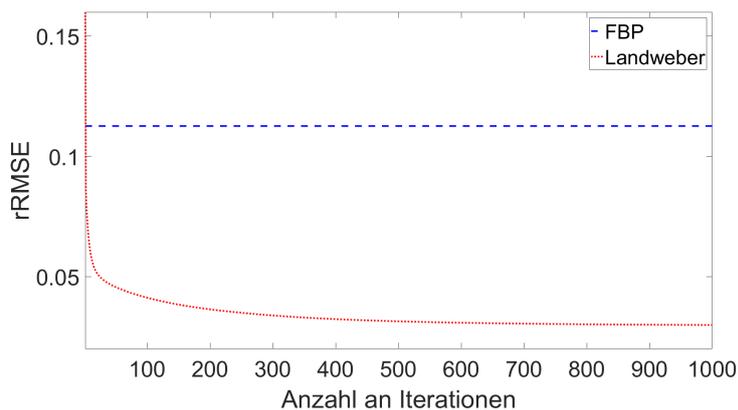
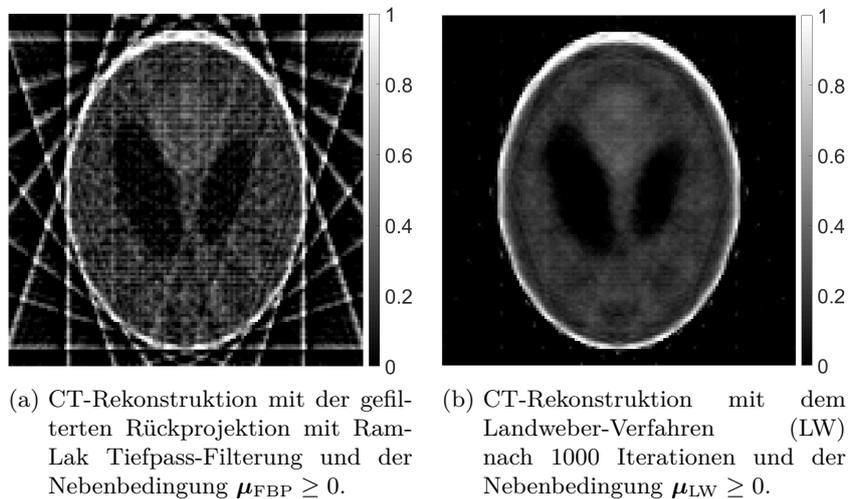


Abbildung 2.14.: Relativer Fehler der geklemmten Rekonstruktionen analog zu Abbildung 2.13:

Eine bekannte Methode, um CT-Rekonstruktionen einfach zu regularisieren, ist physikalisches Vorwissen in die Algorithmik zu integrieren, wie hier beispielsweise mit der Nichtnegativitätsbedingung des Schwächungskoeffizienten. Während die FBP lediglich eine einmalige Anwendung zulässt und keine signifikante Verbesserung zu Abbildung 2.13a aufweist, kann diese Bedingung im Landweber-Verfahren bei jeder Iteration mit in die Rekonstruktion eingehen. Das Resultat ist eine weitere Minimierung des rRMSE im Vergleich zu Abbildung 2.13b. Bei einer ähnlichen Kontrastauflösung ist hier der Unterschied durch die Reduktion der *Streifenartefakte* nun auch qualitativ erkennbar.

• Die Rekonstruktion mit dem Landweber-Verfahren erlaubt den direkten Zugriff auf die Extinktionen, das heißt ohne Filterung und damit auch ohne bandlimitierende Restriktionen. Die Folge ist, dass die Projektionen weder auf die Parallelstrahlgeometrie zurückgeführt noch nach Nyquist 2.3 äquidistant abgetastet werden müssen. Insbesondere zeigte Landweber [Lan51], dass sein Verfahren bei geeigneter Relaxation gegen die Lösung kleinster Quadrate konvergiert.

Das wird insbesondere für die späteren Kapitel interessant, bei denen keine CT-Daten vorliegen, die nicht zu Projektionen entsprechend einer 180°-Akquisition mit Parallelstrahlgeometrie zusammengefasst werden können.

Beispiel Bei einem kleinen und vereinfachten klassischen Sudoku-Spiel, wie das folgende Beispiel

		2	4
4	2		
	3	4	
2		3	

müssen die leeren Kästchen im Tableau mit den korrekten Zahlen, die nur die Werte 1, 2, 3 oder 4 annehmen dürfen, aufgefüllt werden. Sowohl in einer Zeile, als auch in einer Spalte darf jeder Wert jeweils nur einmal vorkommen. Selbiges gilt ebenfalls für jedes einzelne der vier 4 × 4-Untertableaus.

Wir können dieses Spiel wie üblich durch gezieltes Ausprobieren (engl. *brute force method*) lösen oder verwenden das Landweber-Verfahren. Hierzu formulieren wir ein lineares Gleichungssystem $A\mu = p$, indem wir alle Zeilen des Tableaus untereinander als Spaltenvektor $\mu \in \mathbb{R}^{16}$ sortieren, wie es auch für CT-Systemen gemacht wird.

Die Sudoku-Matrix A sowie die korrespondierende rechte Seite p , sind mit Gleichung (A.4) im Anhang A.2 explizit angegeben.

Die acht bekannten Lösungswerte können mit dem korrespondierenden Einheitsvektor in das System eingebunden werden. Subtrahieren wir die kumulierten bekannten Werte einer Zeile der Tabelle 2.4 wie eine Maske von den zu erwartenden (also 10), dann erhalten wir weitere vier Gleichungen.

3			4	10-3-4 =	3
4	2				4
	3	4			3
2		3			5

Nochmal vier Gleichungen können wir durch die analoge Subtraktion bezüglich der Spalten aufstellen und erhalten zwar ein Gleichungssystem mit einer 16-dimensionalen quadratischen Systemmatrix, die aber nur den $\text{Rang}(A) = 16$ besitzt.

Somit müssen wir ein konsistentes Gleichungssystem $A\mu = p$ mit $A \in \mathbb{R}^{16 \times 16}$, $\mu \in \mathbb{R}^{16}$ und $p \in \mathbb{R}^{20}$ lösen, das jedoch nun $\text{Rang}(A) = 16$ hat.

Lösen wir dieses System $\mu^* = A^{-1}p$, dann erhalten wir die direkte Lösung des Systems. Das Landweber-Verfahren erlaubt eine recht unkomplizierte Implementierung einer einfachen Iterationsvorschrift, die mit einer entsprechenden Schrittweite ebenfalls gegen die Lösung konvergiert. Setzen wir zum Beispiel für jede Inkrementierung $\omega = 0, 4$, dann erhalten wir nach spätestens 100 Iterationen die Tabelle 2.4 mit

3	1	2	4
4	2	1	3
1	3	4	2
2	4	3	1

der ebenfalls eindeutigen Lösung des Sudokus. \square

Die Röntgenstrahl-Transformation

Wir nutzen aus, dass die ungefilterte Rückprojektion unabhängig von der parallelen Akquisitionsgemetrie bei iterativen Verfahren für eine CT-Rekonstruktion genutzt werden kann. Damit ist eine Strahlen-Permutation, das heißt eine Umsortierung der Fächer- in Parallelstrahlen, wie beispielsweise in Abbildung 2.2 angedeutet, nicht zwingend notwendig. Dies motiviert uns zu einer generelleren Beschreibung eines Röntgenstrahls.

Definition 2.4.1: Röntgenstrahl-Transformation

Sei der Schwächungskoeffizient $\mu \in \mathcal{S}(\mathbb{R}^m)$ eine Schwartz-Funktion und die zylindrische Menge mit $\mathcal{Z}' = \{(\boldsymbol{\theta}, \mathbf{x}) \mid \boldsymbol{\theta} \in \mathcal{S}^{m-1}, \mathbf{x} \in \mathbb{H}(\boldsymbol{\theta}, 0)\}$ gegeben, dann ist für ein $s \in \mathbb{R}$ die Röntgenstrahl-Transformation $\mathcal{A}\mu : \mathcal{S}(\mathbb{R}^m) \rightarrow \mathcal{S}(\mathcal{Z}')$ als das Linienintegral

$$\mathcal{A}\mu(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}) := \int_{\mathbb{R}} \mu(\mathbf{x} + s \cdot \boldsymbol{\theta}) \, ds \quad (2.44)$$

definiert und ist auch (engl.) als die *X-ray transform* oder in Kurzform als Röntgen-Transformation bekannt.

Bemerkung Übertragen auf den technischen Hintergrund der Computertomographie ließe sich die Koordinate $\mathbf{x}(0) = \mathbf{x}_0$ auch als Quellenursprung interpretieren, von dem der Strahl mit der von der Winkelfunktion $\boldsymbol{\theta}$ vorgegebenen Richtung auf den Detektor trifft. \square

Die Röntgenstrahl-Transformation ist stets, wie der Name schon verrät, über Linienintegrale entlang eines Strahls definiert. Die Radon-Transformation integriert zwar generell über Hyperebenen des \mathbb{R}^m , lässt sich jedoch für den Fall $m = 2$ durch geometrische Überlegungen mit der Röntgenstrahl-Transformation beschreiben, da hier die Hyperebenen Linienintegrale entsprechen.

Hierfür gehen wir wieder von einer Parallelstrahlengemetrie aus und definieren die Winkelfunktion $\boldsymbol{\xi} \in \mathbb{H}(0, \boldsymbol{\theta}) \cap \mathcal{S}^1$ orthogonal zu $\boldsymbol{\theta} \in \mathcal{S}^1$. Sei zudem ein $\mathbf{y} \in \mathbb{H}(0, \boldsymbol{\xi})$ mit $\mathbf{y} := r \cdot \boldsymbol{\theta}$ explizit gegeben, sodass ebenfalls $\mathbf{y} \in \mathbb{H}(r, \boldsymbol{\theta})$ gelte.

Somit erhalten wir mit der Parametrisierung $\mathbf{y} + s \cdot \boldsymbol{\xi} = \mathbf{x} \in \mathbb{H}(s, \boldsymbol{\xi})$ und den Funktionen $\kappa_r(\mathbf{x}) := \langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\theta} \rangle - r$ beziehungsweise $\kappa_s(\mathbf{x}) := \langle \mathbf{x}, \boldsymbol{\xi} \rangle - s$ aus Röntgenstrahl-Transformation

$$\begin{aligned} \mathcal{A}\mu(\mathbf{y}, \boldsymbol{\xi}) &= \int_{\mathbb{R}} \mu(\mathbf{y} + s \cdot \boldsymbol{\xi}) \, ds = \int_{\mathbb{H}(s, \boldsymbol{\xi})} \mu(\mathbf{x}) \, d\delta_{\kappa_s} \\ &= \int_{\mathbb{H}(0, \boldsymbol{\theta})} f(\mathbf{y}) \, d\delta_{\kappa(r=0)} = \langle \delta_{\kappa_r}, \mu \rangle = \mathcal{R}(r, \boldsymbol{\theta}) \end{aligned} \quad (2.45)$$

die Radon-Transformation. Die Gleichung (2.45) zeigt, dass die Analysis in 2D direkt auf die Röntgenstrahl-Transformation übertragbar ist. Jedoch lassen sich ebenfalls weitere generellere Erkenntnisse, wie beispielsweise das Fourier-Scheiben-Theorem laut Gleichung (2.27), auf die Röntgenstrahl-Transformation übertragen.

Satz 2.4.1: Fourier-Scheiben-Theorem: Röntgenstrahl-Transformation

Es sei $\mathcal{A}\mu : \mathcal{S}(\mathbb{R}^m) \rightarrow \mathcal{S}(\mathcal{Z}')$ die Röntgenstrahl-Transformierte des Schwächungskoeffizienten $\mu \in \mathcal{S}(\mathbb{R}^m)$ und ein $\boldsymbol{\xi} \in \mathbb{H}(0, \boldsymbol{\theta}) \cap \mathcal{S}^{m-1}$ orthogonal zu $\boldsymbol{\theta} \in \mathcal{S}^{m-1}$ gegeben. Dann entspricht die $(m-1)$ -dimensionale Fourier-Transformierte der Röntgenstrahl-Transformation $\widetilde{\mathcal{A}\mu}(\boldsymbol{\xi}, \boldsymbol{\theta})$ bezüglich des ersten Arguments und des Grundraums $\mathbb{H}(0, \boldsymbol{\theta})$ der m -dimensionalen Fourier-Transformierten des Schwächungskoeffizienten $\widehat{\mu}(\boldsymbol{\xi})$.

Beweis Wir verwenden die $(m-1)$ -dimensionale Fourier-Transformation über die Hyperebene $\mathbb{H}(0, \boldsymbol{\theta})$

$$\widetilde{\mathcal{A}\mu}(\boldsymbol{\xi}, \boldsymbol{\theta}) := \int_{\mathbb{H}(0, \boldsymbol{\theta})} \mathcal{A}\mu(\boldsymbol{x}, \boldsymbol{\theta}) \exp(-2\pi i \langle \boldsymbol{\xi}, \boldsymbol{x} \rangle) d\boldsymbol{\sigma}$$

und die Orthogonalität von $\boldsymbol{\xi}$ zu $\boldsymbol{\theta}$. Dann folgt mit $\langle \boldsymbol{\xi}, \boldsymbol{x} \rangle = \langle \boldsymbol{\xi}, \boldsymbol{x} + s \cdot \boldsymbol{\theta} \rangle$ und $\boldsymbol{x} + s \cdot \boldsymbol{\theta} =: \boldsymbol{u} \in \mathbb{R}^m$

$$\begin{aligned} \widetilde{\mathcal{A}\mu}(\boldsymbol{\xi}, \boldsymbol{\theta}) &= \int_{\mathbb{H}(0, \boldsymbol{\theta})} \mathcal{A}\mu(\boldsymbol{x}, \boldsymbol{\theta}) \exp(-2\pi i \langle \boldsymbol{\xi}, \boldsymbol{x} \rangle) d\boldsymbol{x} \\ &= \int_{\mathbb{H}(0, \boldsymbol{\theta})} \left(\int_{\mathbb{R}} \mu(\boldsymbol{x} + s \cdot \boldsymbol{\theta}) ds \right) \exp(-2\pi i \langle \boldsymbol{\xi}, \boldsymbol{x} \rangle) d\boldsymbol{x} \\ &= \int_{\mathbb{H}(0, \boldsymbol{\theta})} \int_{\mathbb{R}} \mu(\boldsymbol{x} + s \cdot \boldsymbol{\theta}) \exp(-2\pi i \langle \boldsymbol{\xi}, \boldsymbol{x} + s \cdot \boldsymbol{\theta} \rangle) ds d\boldsymbol{x} \\ &= \int_{\mathbb{R}^m} \mu(\boldsymbol{u}) \exp(-2\pi i \langle \boldsymbol{\xi}, \boldsymbol{u} \rangle) d\boldsymbol{u} = \widehat{\mu}(\boldsymbol{\xi}) \end{aligned}$$

das Fourier-Scheiben-Theorem

$$\widetilde{\mathcal{A}\mu}(\boldsymbol{\xi}, \boldsymbol{\theta}) = \widehat{\mu}(\boldsymbol{\xi}) \quad (2.46)$$

für die Röntgenstrahl-Transformation. \square

Bemerkung Weiter existiert auch ein zur bereits kennengelernten Rückprojektion analoger adjungierter Operator $\mathcal{A}^H : \mathcal{S}(\mathcal{Z}') \rightarrow \mathcal{S}(\mathbb{R}^m)$ bezüglich Röntgenstrahl-Transformation. Wir verweisen aber für weitere Details an dieser Stelle auf das Buch von Natterer [Nat01]. \square

Die Gleichung (2.46) verdeutlicht uns, wie es auch bei der Radon-Transformation gezeigt wurde, dass die Inversion der Röntgenstrahl-Transformation möglich ist. Jedoch benötigen wir die Hyperebene $\mathbb{H}(0, \boldsymbol{\theta})$ sowie die Sphäre \mathcal{S}^{m-1} , welche jeweils $(m-1)$ -dimensionale Mengen im \mathbb{R}^m sind, um die zylindrische Datenmenge \mathcal{Z}' zu erklären und stellt daher eine $2(m-1)$ -dimensionale Mannigfaltigkeit dar. Damit ist ein konsistentes Rekonstruktionsproblem eines m -dimensionalen Schwächungskoeffizienten für $m > 2$ überbestimmt. In anderen Worten, wir benötigen für die Inversion der Röntgenstrahl-Transformation

$$n = 2(m-1) \quad (2.47)$$

-dimensionale zylindrische Datenmenge. Für den eindimensionalen Fall liegt ein Stab vor, sodass wir nur die Information einer Extinktion vorliegen haben. Diese würde nur für einen Stab aus homogenem Material ausreichen.

Die algebraische Formulierung des inversen Problems

Bei den analytischen Rekonstruktionstechniken haben wir implizit vorausgesetzt, dass das CT-Bild wie in Gleichung (2.41) nach der Rekonstruktion in digitaler Form vorliegt. Im Zusammenhang mit der algebraischen Formulierung des inversen Problems (2.4) macht es jedoch an dieser Stelle Sinn dies nachzuholen, wobei wir uns in den folgenden Abschnitten am Buch von Natterer [Nat01] orientieren.

Folglich setzen wir die Auflösung mit M Voxel fest, indem wir ein quadratisches $(\sqrt{M} \times \sqrt{M})$ -Gitter über eine inhomogene 2D Schicht des Schwächungskoeffizienten legen und nehmen an, dass jeder lokale Schwächungskoeffizient $\mu_{k,m}$ innerhalb einer Gitterzelle konstant ist. Weiter nehmen wir an, dass die Voxel isotrop sind und ordnen das Gitter mit $j = m + (k - 1) \cdot \sqrt{M}$ zu einem Vektor $\boldsymbol{\mu} := \{\mu_j\}_{j=1,\dots,M}$ um.

Verwenden wir nun die Folge der charakteristischen Funktion

$$\chi_j(x, y) = \begin{cases} 1, & \text{falls } \mu(x, y) \in \mu_j \\ 0, & \text{sonst,} \end{cases} \quad (2.48)$$

dann können wir den Schwächungskoeffizienten mit der Linearkombination

$$\mu(x, y) \approx \sum_{j=1}^M \chi_j(x, y) \cdot \mu_j \quad (2.49)$$

darstellen beziehungsweise diskretisieren.

Nutzen wir zudem aus, dass die Röntgenstrahl-, sowie auch die Radon-Transformation mit $a, b \in \mathbb{R}$ und $\mu, \nu \in \mathcal{S}(\mathbb{R}^m)$

$$\mathcal{A}(a\mu + b\nu)(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}) = \int_{\mathbb{R}} (a\mu(\mathbf{x} + s \cdot \boldsymbol{\theta}) + b\nu(\mathbf{x} + s \cdot \boldsymbol{\theta})) ds = a\mathcal{A}\mu(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}) + b\mathcal{A}\nu(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta})$$

linear ist, dann ergibt das Einsetzen der Gleichung (2.49) in die Röntgenstrahl-Transformation

$$\mathcal{A}\mu((x, y), \boldsymbol{\theta}) \approx \sum_{j=1}^M \mathcal{A}\chi_j((x, y), \boldsymbol{\theta}) \cdot \mu_j.$$

Zur Vereinfachung der folgenden Darstellung setzen wir an dieser Stelle wieder die Parallelstrahlgeometrie voraus, und dass unter jedem Blickwinkel α stets die gleiche Menge an Extinktionen akquiriert wurde.

Denn sei nun N die Anzahl aller Extinktionen $\mathbf{p} := \{p_i\}_{i=1,\dots,N}$, sowie N_α , die unter einem festen Blickwinkel α gemessen wurden, sodass wir mit dem Index $i_\alpha = \lceil \frac{i}{N_\alpha} \rceil + (i - 1) \cdot N_\alpha$ die Extinktion eines Projektionsprofils $\mathbf{p}_\alpha \in \mathbb{R}^{N_\alpha}$ zählen können, dann lässt sich mit $\boldsymbol{\theta}_{i_\alpha} := \boldsymbol{\theta}(\alpha)$ und dem Koeffizienten

$$a_{ij} := \mathcal{A}\chi_j(\mathbf{x}_i, \boldsymbol{\theta}_{i_\alpha}) = \int_{\mathbb{R}} \chi_j((x, y)_i^T + s \cdot \boldsymbol{\theta}_{i_\alpha}) ds,$$

die Röntgenstrahl-Transformation mit einem linearen Gleichungssystem

$$\mathbf{p} = \mathcal{A}\mu(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}) \approx \mathbf{A}\boldsymbol{\mu}. \quad (2.50)$$

approximieren, wobei der Koeffizient $a_{i,j}$ auch Geometriefaktor genannt wird.

Bemerkung Bei der Radon-Transformation können wir in diesem Fall jede Projektion durch die entsprechende Hyperebene bezüglich eines festen Blickwinkels α mit $\boldsymbol{\theta}_\alpha := \boldsymbol{\theta}(\alpha)$ und dem analog zu Gleichung (2.50) diskreten Projektionsprofil \mathbf{p}_α in einer kompakten Schreibweise

$$\mathbf{p}_\alpha \approx \sum_{j=1}^M \mathcal{R}\chi_j(r, \boldsymbol{\theta}_\alpha) \cdot \mu_j =: \mathcal{R}_\alpha \boldsymbol{\mu} \quad (2.51)$$

zusammenfassen. Der Unterschied in 2D zwischen dem CT-System der Radon- und Röntgenstrahl-Transformation lässt sich so durch eine Permutation der Zeilen der linearen Gleichungssysteme erklären. \square

Durch eine geeignete Diskretisierung eines 2D oder 3D Schwächungskoeffizienten $\mu(\mathbf{x})$ kann das inverse Problem der Computertomographie in ein $(N \times M)$ -dimensionales lineares Gleichungssystem überführt werden. Dadurch, dass nun der Schwächungskoeffizient durch die Diskretisierung in N konstante Schwächungskoeffizienten, also Voxel, aufgeteilt wird, muss nach dem Fourier-Scheiben-Theorem für die Gleichung (2.46) mit dem Richtwert von $N = 2(M - 1)$ fast die doppelte Menge an Projektionsdaten für eine Inversion der diskreten Röntgenstrahl-Transformation erhoben werden.

Das algebraische Rekonstruktionsproblem besteht demnach darin, das lineare Ausgleichsproblem

$$\|\mathbf{A}\boldsymbol{\mu} - \mathbf{p}\|_2 \rightarrow \min$$

zu lösen. Bei einem konsistenten $(2 \cdot (M - 1) \times M)$ -dimensional mit $N > 2$ erwarten wir, dass die Rekonstruktion aus dem inversen CT-Problem der Lösung kleinster Quadrate eines überbestimmten Systems mit vollem Rang $\boldsymbol{\mu}^* = \mathbf{A}^+ \mathbf{p} = (\mathbf{A}^T \mathbf{A})^{-1} \mathbf{A}^T \mathbf{p}$ entspricht.

Beispiel Für einen (3×3) aufgelösten Schwächungskoeffizienten erhalten wir ein Gitter in der Form

$$\begin{array}{|c|c|c|} \hline \mu_{11} & \mu_{12} & \mu_{13} \\ \hline \mu_{21} & \mu_{22} & \mu_{23} \\ \hline \mu_{31} & \mu_{32} & \mu_{33} \\ \hline \end{array} \rightarrow \begin{array}{|c|c|c|} \hline \mu_1 & \mu_2 & \mu_3 \\ \hline \mu_4 & \mu_5 & \mu_6 \\ \hline \mu_7 & \mu_8 & \mu_9 \\ \hline \end{array} \rightarrow \begin{pmatrix} \mu_1 \\ \mu_2 \\ \mu_3 \\ \mu_4 \\ \mu_5 \\ \mu_6 \\ \mu_7 \\ \mu_8 \\ \mu_9 \end{pmatrix} =: \boldsymbol{\mu} \in \mathbb{R}^9$$

und beginnen nun den Körper aus vier Winkeln von 0° , 45° , 90° und 135° mit parallelen Röntgenstrahlen in mathematisch negativer Rotation zu durchleuchten.

Bei insgesamt drei horizontal, drei vertikal und zehn diagonal einfallenden Röntgenstrahlen ergibt sich ein CT-System mit einer Systemmatrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{16 \times 9}$ mit der Struktur

$$\mathbf{A} = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ \sqrt{2} & 0 & 0 & 0 & \sqrt{2} & 0 & 0 & 0 & \sqrt{2} \\ 0 & \sqrt{2} & 0 & 0 & 0 & \sqrt{2} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sqrt{2} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sqrt{2} & 0 & 0 & 0 & \sqrt{2} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sqrt{2} & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & \sqrt{2} & 0 & \sqrt{2} & 0 & \sqrt{2} & 0 & 0 \\ 0 & \sqrt{2} & 0 & \sqrt{2} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \sqrt{2} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sqrt{2} & 0 & \sqrt{2} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sqrt{2} \end{pmatrix} \quad (2.52)$$

und $\text{Rang}(\mathbf{A}) = 9$. Das entspricht mit $N = 2(M - 1) = 2 \cdot 8 = 16$ der Relation nach Gleichung (2.47). Daher haben wir bei diesem Beispiel insbesondere eine Röntgenstrahl-Transformation vorliegen, welche nach der Integral-geometrischen Erkenntnis aus Gleichung (2.46) bei konsistenten Projektionsdaten $\mathbf{p} \in \mathcal{Z}' \subset \mathbb{R}^{16}$ mit $\mathbf{A}^+ \mathbf{p} = (\mathbf{A}^T \mathbf{A})^{-1} \mathbf{A}^T \mathbf{p} = \boldsymbol{\mu}^*$ invertierbar ist.

Bei genauer Betrachtung lässt sich die Inversion dieses Beispiels bereits durch die Projektionen aus 45° und 135° hinreichend gut erklären, sodass nur eine weitere Projektion entweder aus 0° oder aus 90° hinzugenommen werden muss. Das liegt daran, dass die äußeren Voxel $\boldsymbol{\mu}_1$, $\boldsymbol{\mu}_3$, $\boldsymbol{\mu}_6$ und $\boldsymbol{\mu}_9$ von jeweils einem diagonalen Strahl alleine durchleuchtet werden. Sie sind daher einzeln durch eindimensionale Rekonstruktionsprobleme eindeutig erklärt, wodurch sich das System mit der Inversion einer reduzierten Matrix $\tilde{\mathbf{A}} \in \mathbb{R}^{12 \times 9}$ mit $\text{Rang}(\tilde{\mathbf{A}}) = 9$ lösen lässt. \square

Des Weiteren gibt das Theorem mit Gleichung (2.46) Aufschluss darüber, wann die Berechnung der Pseudoinversen nicht zur Inversion der Röntgenstrahl-Transformation führt. Beziehungsweise gibt es ein Maß darüber an, wie viele Projektionen in einer idealen Welt ohne Messfehler akquiriert werden müssen. Wir stehen demnach einer großen zu verarbeitenden CT-Datenmenge gegenüber, sodass die direkte stabile Berechnung der Pseudoinversen, wenn sie überhaupt möglich ist, nur sehr komplex umsetzbar ist.

Bei dem Sudoku-Rästel deutet es sich an, dass es mit Methoden, wie dem Landweber-Verfahren möglich ist, die Lösung zu iterieren, anstatt sie direkt zu bestimmen. Interessant für uns ist dabei, dass die Sudoku-Matrix eine ähnliche Struktur wie die CT-Systemmatrix aus 2.52 besitzt. Denn sie sind ähnlich dünn besetzt.

Daher versprechen wir uns vom Rückgriff auf iterative Verfahren, wie wir es später detaillierter sehen werden, dass sie das Potential haben, trotz höheren Rechenaufwands effiziente CT-Rekonstruktionsverfahren zu erhalten.

Algebraische Rekonstruktionstechniken

Die Formulierung des algebraischen Rekonstruktionsproblems resultierend aus der Approximation (2.50) und basierend auf der Röntgenstrahl-Transformation hat im Vergleich zu den analytischen Methoden, die auf die Radon-Transformation angewiesen sind, den Vorteil, dass wir allgemein nicht an eine sphärische Trajektorie für die Datenakquise gebunden

sind. Darüber hinaus ist der Abstand der Abtastpunkte nicht rigide vorgegeben, wie bei Voraussetzung einer äquidistanten Schrittweite. So findet die algebraische Rekonstruktionstechnik ebenfalls Anwendung in der sogenannten Computerlaminographie, bei der lediglich die Quelle bei einem fixierten Detektor bewegt wird.

Der Rückgriff auf iterative Verfahren, wie das Landweber-Verfahren, hat dabei zwei weitere Vorteile:

- Ein CT-Bild mit einer üblichen (512×512) -Auflösung pro z -Schicht erzeugt beispielsweise mit der Relation $M = 2(N - 1)$ ein $(512^2|z| \times 2 \cdot (512^2|z| - 1))$ -dimensionales dünn besetztes System. Eine Auflösung in z -Richtung mit $|z| = 200$ macht die Systemmatrix mit $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{52.428.800 \times 106.857.598}$ zu einem technisch nicht direkt pseudoinvertierbaren Objekt. Die Approximation der inversen Röntgenstrahl-Transformation kann hier durch die iterative Annäherung an die Pseudoinverse umgesetzt werden und besitzt daher für die Optimierung geeignete Freiheitsgrade, die wir für die CT-Bildgebung ausnutzen werden.
- Ein weiteres großes Potenzial liegt in der Reduktion der Patientendosisbelastung durch die (ungefilterte) algebraische Formulierung des inversen Problems. Denn im Vergleich zur direkten Anwendung des Fourier-Scheiben-Theorems durch die FBP müssen wir keinen bandlimitierten Schwächungskoeffizienten für die Rekonstruktionsalgorithmik voraussetzen.

Das klassische Kaczmarz-Verfahren

Das Landweber-Verfahren stellt, wie wir es zu Beginn dieses Unterkapitels anhand einer heuristischen Herleitung gesehen haben, ein sehr intuitives Verfahren dar.

Bemerkung Beispielsweise ergibt sich mit der diskreten Röntgenstrahl-Transformation $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{N \times M}$, dem Voxelvektor $\boldsymbol{\mu}^* \in \mathbb{R}^M$ und den gemessenen Projektionen $\mathbf{p} \in \mathbb{R}^N$ aus der Normalengleichung mit einem Relaxationsparameter $\omega > 0$

$$\Phi(\boldsymbol{\mu}^*) := -\omega \mathbf{A}^T (\mathbf{A} \boldsymbol{\mu}^* - \mathbf{p}) = \mathbf{0}$$

die Fixpunktgleichung

$$\boldsymbol{\mu}^* = \boldsymbol{\mu}^* - \omega \mathbf{A}^T (\mathbf{A} \boldsymbol{\mu}^* - \mathbf{p}). \quad (2.53)$$

Die Gleichung (2.53) ist die Fixpunktgleichung des Landweber-Verfahrens.

Folglich konvergiert das Verfahren nach dem *Banach'schen Fixpunktsatz* auch bei einem überbestimmten System ohne Rangdefizit gegen den stationären Punkt $\boldsymbol{\mu}^* = \mathbf{A}^+ \mathbf{p}$, genau dann wenn $\|\mathbf{D}(\Phi)\|_2 = \omega \|\mathbf{A}^T \mathbf{A}\|_2 < 1$ ist. Das heißt, mit einem Parameter $\omega \leq \|\mathbf{A}^T \mathbf{A}\|_2^{-1}$ erhalten wir den Fixpunkt $\boldsymbol{\mu}^* = \Phi(\boldsymbol{\mu}^*)$, welcher der Minimallösung bezüglich eines linearen Ausgleichsproblems $\|\mathbf{A} \boldsymbol{\mu} - \mathbf{p}\|_2 \rightarrow \min$ entspricht. \square

In der CT-Forschung wird jedoch die algebraische Rekonstruktionstechnik (ART) im Allgemeinen mit dem klassischen Kaczmarz-Verfahren umgesetzt und häufig auch mit der ART gleichgesetzt. Das nehmen wir zum Anlass, dieses Verfahren zu definieren und zu diskutieren.

Das klassische Kaczmarz-Verfahren vergleicht wie das Landweber-Verfahren die gemessenen Projektionen mit den simulierten (vorwärtsprojizierten CT-Bildern) und inkrementiert das aktuelle CT-Bild mit der normalisierten Differenz.

Der wesentliche Unterschied zum Landweber-Verfahren besteht im Zeitpunkt des Inkrementierens. Während das Landweber-Verfahren das Gesamtsystem auf einmal iteriert, wird beim Kaczmarz-Verfahren der Korrekturschritt nach jeder Zeile $\langle \mathbf{a}_i^T, \boldsymbol{\mu} \rangle = p_i$ berechnet.

Daher definieren wir zunächst zu beliebigem $n \in \mathbb{N}_0$ den Index $i_n \in \{1, \dots, N\}$ mit

$$i_n \equiv (n \bmod N) + 1. \quad (2.54)$$

Dieser zählt sukzessiv in chronologischer Reihenfolge von 1 bis N und ist N -periodisch.

Definition 2.4.2: Das klassische Kaczmarz-Verfahren

Das System $\mathbf{A}\boldsymbol{\mu} = \mathbf{p}$ sei mit $\mathbf{a}_i \in \mathbb{R}^M$ und $p_i \in \mathbb{R}$ in einzelne Subsysteme bestehend aus einer einzelnen Zeile $\langle \mathbf{a}_i^T, \boldsymbol{\mu} \rangle = p_i$ mit $i = 1, \dots, N$ unterteilt. Dann heißt die Folge mit dem Index aus Gleichung (2.54)

$$\boldsymbol{\mu}_{n+1} = \boldsymbol{\mu}_n + \mathbf{a}_{i_n}^T \cdot \frac{p_{i_n} - \mathbf{a}_{i_n} \cdot \boldsymbol{\mu}_n}{\|\mathbf{a}_{i_n}^T\|_2^2} \quad (2.55)$$

das klassische Kaczmarz-Verfahren.

Den Begriff einer Schleife wollen wir mit dem einer (vollständigen) Iteration gleichsetzen, wobei eine Iteration aus N Subiterationen entsprechend der Zeilenanzahl besteht. Das klassische Kaczmarz-Verfahren mit dieser Schleifen-Strategie wird daher auch engl. *looping Kaczmarz method* genannt.

Wir untersuchen nun einen Subiterationsschritt, um das Kaczmarz-Verfahren in seiner Funktionsweise mathematisch und physikalisch interpretieren zu können. Dabei wird für jeden Röntgenstrahl die zugehörige Zeile des CT-Systems $\mathbf{a}_i \cdot \boldsymbol{\mu} = \langle \mathbf{a}_i^T, \boldsymbol{\mu} \rangle = p_i$ alleine untersucht und die Normalengleichung $\mathbf{a}_i^T (\langle \mathbf{a}_i^T, \boldsymbol{\mu} \rangle - p_i) = \mathbf{0}$ analog zu Gleichung (2.13) betrachtet. Das machen wir für alle $i \in \{1, \dots, N\}$

$$\left(\begin{array}{c|c} \mathbf{a}_1 & p_1 \\ \mathbf{a}_2 & p_2 \\ \vdots & \vdots \\ \mathbf{a}_N & p_N \end{array} \right) \rightarrow \left(\begin{array}{c|c} \mathbf{a}_1^T \mathbf{a}_1 & \mathbf{a}_1^T p_1 \\ \mathbf{a}_2^T \mathbf{a}_2 & \mathbf{a}_2^T p_2 \\ \vdots & \vdots \\ \mathbf{a}_N^T \mathbf{a}_N & \mathbf{a}_N^T p_N \end{array} \right)$$

und berechnen zunächst nach Gleichung (2.15) die Lösung minimaler Norm bezüglich jeder i -ten Zeile $\boldsymbol{\mu}_i^* \in \mathbb{R}^M$. Wir bleiben bei der Notation aus Gleichung (2.15), sodass die i -te Lösung mit

$$\boldsymbol{\mu}_i^* = \mathbf{a}_i^T (\mathbf{a}_i \mathbf{a}_i^T)^{-1} p_i =: \mathbf{a}_i^- p_i \quad (2.56)$$

dargestellt werden kann.

Bemerkung Es befindet sich die Lösung $\boldsymbol{\mu}_i^*$ für alle $i = 1, \dots, N$ demnach in der affinen Hyperebene $H_i := \{\boldsymbol{\mu} \in \mathbb{R}^M \mid \langle \mathbf{a}_i^T, \boldsymbol{\mu} \rangle - p_i = 0\}$. Die Lösung minimaler Norm des Gesamtsystems $\boldsymbol{\mu}^*$ befindet sich im Schnitt aller affinen Hyperebenen. Das heißt, dass $\mathbf{a}_i^- p_i = \boldsymbol{\mu}_i^* \in H_i$ und $\boldsymbol{\mu}^* \in \bigcap_{i=1}^N H_i$ gilt. Dieser Schnitt ist nicht leer, da wir ein konsistentes System annehmen. \square

Die orthogonale Projektion $\mathcal{Q}_{\mathbf{a}_i}^\perp := \mathbf{a}_i^- \mathbf{a}_i$ projiziert einen beliebigen Vektor $\boldsymbol{\mu} \in \mathbb{R}^M$ auf eine Gerade mit $\text{Span}(\mathbf{a}_i^-) = \text{Span}(\mathbf{a}_i^T)$. Die Orientierung dieser Geraden wird also durch den Richtungsvektor \mathbf{a}_i^T vorgegeben.

Die komplementäre Abbildung ist durch $\mathcal{Q}_{\mathbf{a}_i} := \mathbf{I} - \mathcal{Q}_{\mathbf{a}_i}^\perp$ definiert und ist eine orthogonale Projektion auf $\text{Kern}(\mathbf{a}_i) = H_i^0$.

Für die Lösung $\boldsymbol{\mu}_i^* = \mathbf{a}_i^- p_i$ folgt somit

$$\begin{aligned} \mathcal{Q}_{\mathbf{a}_i} \boldsymbol{\mu}_i^* &= (\mathbf{I} - \mathcal{Q}_{\mathbf{a}_i}^\perp) \boldsymbol{\mu}_i^* \stackrel{(2.56)}{=} (\mathbf{I} - \mathbf{a}_i^- \mathbf{a}_i) (\mathbf{a}_i^- p_i) = \mathbf{a}_i^- p_i - \mathbf{a}_i^- (\mathbf{a}_i \mathbf{a}_i^-) p_i \\ &= \mathbf{a}_i^- p_i - \mathbf{a}_i^- (\mathbf{a}_i \mathbf{a}_i^T (\mathbf{a}_i \mathbf{a}_i^T)^{-1}) p_i = \mathbf{a}_i^- p_i - \mathbf{a}_i^- p_i = \mathbf{0}. \end{aligned} \quad (2.57)$$

Wir definieren für ein beliebiges $\boldsymbol{\mu} \in \mathbb{R}^M$ nun die Abbildung $\mathfrak{q}_i(\boldsymbol{\mu}) := \mathcal{Q}_{\mathbf{a}_i}\boldsymbol{\mu} + \boldsymbol{\mu}_i^*$. Sie ist mit

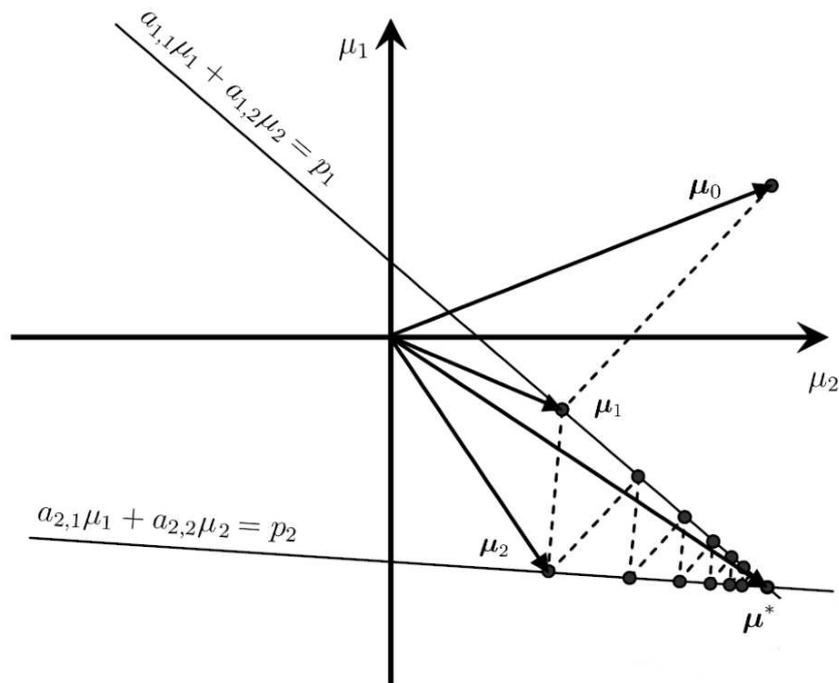
$$\begin{aligned} (\mathfrak{q}_i)^2(\boldsymbol{\mu}) &= \mathfrak{q}_i(\mathfrak{q}_i(\boldsymbol{\mu})) = \mathfrak{q}_i(\mathcal{Q}_{\mathbf{a}_i}\boldsymbol{\mu} + \boldsymbol{\mu}_i^*) = \mathcal{Q}_{\mathbf{a}_i}(\mathcal{Q}_{\mathbf{a}_i}\boldsymbol{\mu} + \boldsymbol{\mu}_i^*) + \boldsymbol{\mu}_i^* \\ &= \mathcal{Q}_{\mathbf{a}_i}^2\boldsymbol{\mu} + \mathcal{Q}_{\mathbf{a}_i}\boldsymbol{\mu}_i^* + \boldsymbol{\mu}_i^* \stackrel{(2.57)}{=} \mathcal{Q}_{\mathbf{a}_i}\boldsymbol{\mu} + \boldsymbol{\mu}_i^* = \mathfrak{q}_i(\boldsymbol{\mu}) \end{aligned}$$

idempotent und damit eine affine orthogonale Projektion. Identifizieren wir nun diese mit einem einzelnen Korrekturschritt des klassischen Kaczmarz-Verfahrens aus Gleichung (2.55)

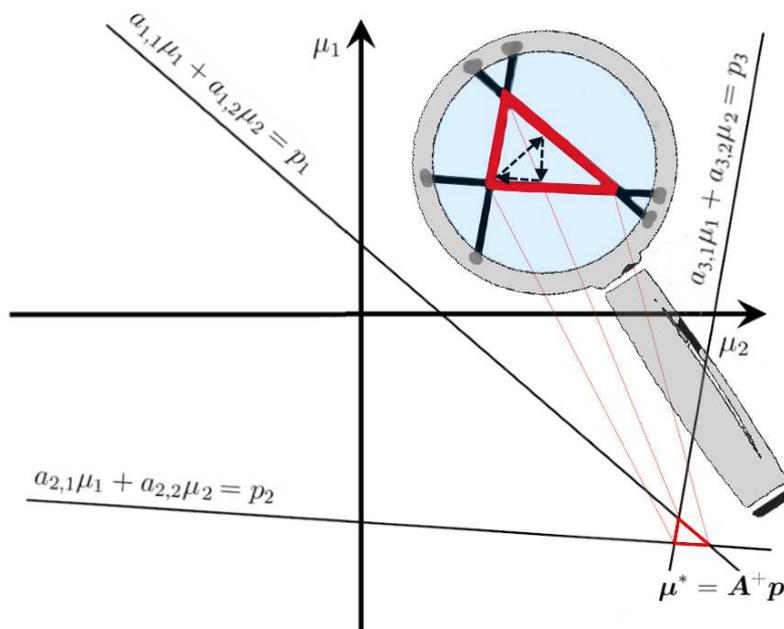
$$\begin{aligned} \mathfrak{q}_i(\boldsymbol{\mu}) &= \mathcal{Q}_{\mathbf{a}_i}\boldsymbol{\mu} + \boldsymbol{\mu}_i^* = (\mathbf{I} - \mathcal{Q}_{\mathbf{a}_i}^-)\boldsymbol{\mu} + \mathbf{a}_i^- p_i \\ &= (\mathbf{I} - \mathbf{a}_i^T(\mathbf{a}_i\mathbf{a}_i^T)^{-1}\mathbf{a}_i) \cdot \boldsymbol{\mu} + \mathbf{a}_i^T(\mathbf{a}_i\mathbf{a}_i^T)^{-1}p_i \\ &= \boldsymbol{\mu} + \mathbf{a}_i^T \cdot \frac{p_i - \langle \mathbf{a}_i^T, \boldsymbol{\mu} \rangle}{\|\mathbf{a}_i^T\|_2^2}, \end{aligned}$$

dann entspricht die affine orthogonale Projektion $\mathfrak{q}_i(\boldsymbol{\mu})$ einer Subiteration des Verfahrens aus Gleichung (2.55).

Geometrisch bewirkt diese Vorschrift, dass sich die Lösungstrajektorie wie eine Spirale auf den Fixpunkt zu bewegt. Algorithmisch betrachtet wird die Differenz einer simulierten eindimensionalen Vorwärtsprojektion ($\mathbf{a}_i \cdot \boldsymbol{\mu}$) zur Extinktion p_i berechnet und normalisiert zurückprojiziert.



(a) Wir sehen das Kaczmarz Schema für ein konsistentes System.



(b) Hier ist das Kaczmarz Schema für ein inkonsistentes System skizziert.

Abbildung 2.15.: Kaczmarz Schema für 2D (Bildvorlagen entstammen [Buz08]):

Bei dem klassischen Kaczmarz-Verfahren wird die momentane Iterierte orthogonal auf die Hyperebenen $a_{i1}\mu_1 + a_{i2}\mu_2 = p_i$ mit $i \in \{1, \dots, N\}$ projiziert. Bei einem konsistenten also injektiven System konvergiert das Verfahren gegen den stationären Punkt μ^* , unser CT-Bild. Bei einem inkonsistenten System gelangt die Lösungstrajektorie in einen Grenzyklus, der sich zumindest in der Nähe der Minimallösung befindet.

Bemerkung Ein Defizit spiegelt sich aber bei der rechenaufwändigeren Datenverwertung wider. Bei dem Kaczmarz-Verfahren wird der Aktualisierungsschritt jeweils für eine einzelne

Zeile des Systems berechnet, während beim Landweber-Verfahren stets mit dem Gesamtsystem inkrementiert wird.

Daher verwendet man verbreitet die Normalisierung des Kaczmarz-Verfahrens, um das CT-System für das Landweber-Verfahren zu konditionieren. Der daraus erzeugte Kompromiss lautet in Voxel-basierter Schreibweise für $j = 1, \dots, M$

$$(\boldsymbol{\mu}_{n+1})_j = (\boldsymbol{\mu}_n)_j + \frac{1}{\sum_{i=1}^N a_{ij}} \cdot \sum_{i=1}^N a_{ij} \frac{p_i - \mathbf{a}_i \cdot \boldsymbol{\mu}_n}{\sum_{k=1}^M a_{ik}}, \quad (2.58)$$

wird in der CT-Forschung simultane iterative Rekonstruktionstechnik (SIRT) genannt und ist ein Spezialfall der simultanen algebraischen Rekonstruktionstechnik (SART).

Dieser Name lehnt sich an die parallele Berechnung der Strahlen-basierten Vorwärtsprojektion an und wurde von Andersen und Kak [AK84] als eine verbesserte Implementierung der ART vorgestellt. Der Unterschied von SIRT und SART wird im nächsten Abschnitt kurz erläutert. Sowohl die SIRT als auch die SART gehen jeweils auf Andersen und Kak zurück. \square

Kaczmarz bewies in seiner Schrift [Kac37], die wir im Anhang A.2 finden, die Konvergenz des Kaczmarz-Verfahrens für konsistente Systeme. Es ist mittlerweile bekannt, dass das Verfahren weitaus mehr Potential besitzt. So wird beispielsweise von Trummer in [Tru84] gezeigt, dass das schon dort als ART bezeichnete Verfahren auch bei überbestimmtem, inkonsistentem System bei einer geeigneten Relaxatierung im Wesentlichen gegen die Lösung kleinster Quadrate streben kann.

Die Klasse der Kaczmarz-Verfahren

Das entschiedenere Manko des Kaczmarz-Verfahrens ist der nochmals erhöhte Rechenaufwand. Das Verfahren in der klassischen Form aus (2.55) konnte sich trotz exponentiellen Konvergenzeigenschaften, wie es Strohmmer und Vershynin [SV08] demonstriert haben, in der CT-Forschung effizient nicht durchsetzen. Denn während sich beim Landweber-Verfahren die Vor- und Rückprojektion wie bei der FBP parallelisieren lassen, können diese zeilenweisen Operationen beim Kaczmarz-Verfahren lediglich seriell berechnet werden.

Die Konsequenz besteht nun aber nicht darin dieses Verfahren zu verwerfen, sondern die Anzahl der Subiterationen geeignet zu reduzieren. Dafür schlagen wir mit einer Zerlegung $\sum_{i=1}^P N_i = N$ einen Aktualisierungsschritt vor, der aus einer Projektion auf einen N_i -dimensionalen affinen Unterraum besteht. Wir beschränken das Inkrement also nicht nur auf eine Systemzeile, sondern definieren den affinen Unterraum mit einem Subsystem, das aus N_i Zeilen besteht.

Bemerkung Aus didaktischen Gründen beschreiben wir die Klasse der Verfahren mit der Notation der klassischen Schleifen-Strategie. Das heißt, dass wir den Index aus Gleichung (2.55) wiederverwenden und somit den Austausch der Subsysteme in chronologischer Reihenfolge belassen. Das stellt jedoch keine Beschränkung der Allgemeinheit dar, da die Reihenfolge der Systemzeilen wie bei Strahlen-Permutation beliebig umsortiert werden kann. Das CT-System $\mathbf{A}\boldsymbol{\mu} = \mathbf{p}$ unterteilen wir nun mit

$$\left(\begin{array}{c|c} \mathbf{A}_1 & \mathbf{p}_1 \\ \mathbf{A}_2 & \mathbf{p}_2 \\ \vdots & \vdots \\ \mathbf{A}_P & \mathbf{p}_P \end{array} \right) \rightarrow \left(\begin{array}{c|c} \mathbf{A}_1^T \mathbf{A}_1 & \mathbf{A}_1^T \mathbf{p}_1 \\ \mathbf{A}_2^T \mathbf{A}_2 & \mathbf{A}_2^T \mathbf{p}_2 \\ \vdots & \vdots \\ \mathbf{A}_P^T \mathbf{A}_P & \mathbf{A}_P^T \mathbf{p}_P \end{array} \right) \quad (2.59)$$

und legen die Art der Unterteilung vor jedem Schleifendurchlauf fest.

Auch hier setzen wir den Begriff einer kompletten Schleife mit dem einer Iteration gleich.

Das heißt, dass eine Iteration aus P Subiterationen besteht. In der CT-Forschung wird eine Schleife über alle Projektionen in Anlehnung an die Rotation der Gantry auch engl. *sweep* genannt. \square

Wir formulieren nach dem Vorbild unserer Leitliteratur von Natterer und Wübbeling [NW01] eine allgemeinere Klasse derartiger Verfahren, wobei eine Iteration nun aus P -Subiterationen besteht.

Weiter definiert ein Subsystem einen affinen Unterraum $H_i := \{\boldsymbol{\mu} \in \mathbb{R}^M \mid \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu} - \mathbf{p}_i = \mathbf{0}\}$.

Definition 2.4.3: Die Klasse der Kaczmarz-Verfahren

Es sei eine Unterteilung wie in Gleichung (2.59) eines CT-Systems $\mathbf{A}\boldsymbol{\mu} = \mathbf{p}$ mit $\mathbf{A}_i : \boldsymbol{\mu} \rightarrow \mathbf{p}_i$ für $i = 1, \dots, P \leq N$ gegeben. Es gilt dafür $\sum_{i=1}^P N_i = N$, $\mathbf{A}_i \in \mathbb{R}^{N_i \times M}$, $\boldsymbol{\mu} \in \mathbb{R}^M$ und $\mathbf{p}_i \in \mathbb{R}^{N_i}$.

Zudem sei der Relaxationsparameter $\omega \in \mathbb{R}_{>0}$ und die positiv definite Matrix $\mathbf{C}_i \in \mathbb{R}^{N_i \times N_i}$ gegeben. Dann heißt die Iterationsvorschrift, die die Folge

$$\boldsymbol{\mu}_{n+1} = \boldsymbol{\mu}_n + \omega \mathbf{A}_{i_n}^T \mathbf{C}_{i_n} (\mathbf{p}_{i_n} - \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_n) \quad (2.60)$$

generiert, Kaczmarz-Verfahren. Der Index $i_n \equiv (n \bmod P) + 1$ mit $n \in \mathbb{N}_0$ ist durch die Schleife über alle Subsysteme analog wie beim klassischen Verfahren (2.55) erklärt und ist P -periodisch.

Die Verallgemeinerung auf die Klasse der Kaczmarz-Verfahren ermöglicht es, die Rechengeschwindigkeit in Form von parallelem Rechnen zu reduzieren. Abgesehen vom Kaczmarz-Verfahren aus Gleichung (2.55) ist jedoch die Pseudoinvertierung der quadratischen Form $\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T$ für eine klassische Formulierung des Verfahrens in der Praxis sehr komplex. Insbesondere bei einer modernen CT ist diese Berechnung bereits bei kleinen Subsystemen nicht mehr effizient realisierbar, sodass hier eine Approximation nötig ist.

Wir werden einen Satz zeigen, wie wir eine geeignete Matrix \mathbf{C} wählen können, um ein konvergentes Kaczmarz-Verfahren zu erlangen. Wir formulieren und beweisen diesen Satz in einer abgeschwächten Form und treffen vorab entsprechende Annahmen:

- Wir behalten die Annahme eines konsistenten CT-Systems bei.
- Das Fourier-Scheiben-Theorem für die Röntgenstrahl-Transformation besagt mit Gleichung (2.44), dass wir aufgrund der zugrundeliegenden Integral-Geometrie ein CT-Problem mit mehr Datenpunkten als Voxel benötigen, um die Rück-Transformation zu gewährleisten. Bei konsistenten CT-Systemen bedeutet dies konkret, dass für ein Volumen bestehend aus M Voxeln nach Gleichung (2.47) $N = 2(M - 1)$ Datenpunkte, sprich Extinktionen, vorhanden sein müssen. Es gilt in diesem Fall, dass für die Systemmatrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{2(M-1) \times M}$ mit $M > 2$ der Rang(\mathbf{A}) = M ist. Die inverse (diskretisierte) Röntgenstrahl-Transformation lässt sich hier mit

$$\boldsymbol{\mu}^* = \mathbf{A}^+ \mathbf{p} = (\mathbf{A}^T \mathbf{A})^{-1} \mathbf{A}^T \mathbf{p}$$

explizit angeben. Unter dem Aspekt der Reduktion der Patientendosisbelastung lassen wir auch CT-Systeme zu, bei denen mit $N \leq 2(M - 1)$ der volle Rang nicht gewährleistet ist. In diesem Fall approximieren wir die Inverse der Röntgenstrahl-Transformation mit der Lösung minimaler Norm und definieren diese mit der Singulärwertzerlegung $\mathbf{A} = \mathbf{U}\boldsymbol{\Sigma}\mathbf{V}^T$ mit

$$\boldsymbol{\mu}^* := \mathbf{V}\boldsymbol{\Sigma}^\dagger \mathbf{U}^T \mathbf{p} = \mathbf{A}^\dagger \mathbf{p} \quad (2.61)$$

aus Gleichung (2.16).

- Zuletzt einigen wir uns darauf, dass für alle $i \in \{1, \dots, P\}$ die Lösung minimaler Norm

bezüglich der einzelnen Subsysteme $\mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu} = \mathbf{p}_i$ mit der Notation analog zu Gleichung (2.61) mit

$$\boldsymbol{\mu}_i^* := \mathbf{V}_i \boldsymbol{\Sigma}_i^\dagger \mathbf{U}_i^T \mathbf{p}_i = \mathbf{A}_i^\dagger \mathbf{p}_i$$

gegeben ist.

So folgt aufgrund der Konsistenzannahme $\boldsymbol{\mu}^* \in \bigcap_{i=1}^P \mathbf{H}_i$, dass diese Lösung mit $\mathbf{A}_i \in \mathbb{R}^{N_i \times M}$ und $\mathbf{p}_i \in \mathbb{R}^{N_i}$ die Gleichung $\mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}^* = \mathbf{p}_i$ für alle $i \in \{1, \dots, P\}$ erfüllt.

Die Matrix $\mathcal{Q}_{\mathbf{A}_i}^\perp = \mathbf{A}_i^\dagger \mathbf{A}_i$ beschreibt, wie in Kapitel 2.2 erklärt, eine orthogonale Projektion. Für die komplementäre Projektion gilt mit (MP2)

$$\begin{aligned} \mathcal{Q}_{\mathbf{A}_i} \boldsymbol{\mu}_i^* &:= (\mathbf{I} - \mathcal{Q}_{\mathbf{A}_i}^\perp) \boldsymbol{\mu}_i^* = (\mathbf{I} - \mathbf{A}_i^\dagger \mathbf{A}_i) \mathbf{A}_i^\dagger \mathbf{p}_i \\ &= \mathbf{A}_i^\dagger \mathbf{p}_i - (\mathbf{A}_i^\dagger \mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^\dagger) \mathbf{p}_i = \mathbf{A}_i^\dagger \mathbf{p}_i - \mathbf{A}_i^\dagger \mathbf{p}_i = \mathbf{0} \end{aligned} \quad (2.62)$$

und es ist $\boldsymbol{\mu}_i^* \in \text{Kern}(\mathcal{Q}_{\mathbf{A}_i})$. Definieren wir eine affine Abbildung $\mathbf{q}_i(\boldsymbol{\mu}) := \mathcal{Q}_{\mathbf{A}_i} \boldsymbol{\mu} + \boldsymbol{\mu}_i^*$, analog zum klassischen Kaczmarz-Verfahren (2.55), dann ist diese mit

$$\begin{aligned} (\mathbf{q}_i)^2(\boldsymbol{\mu}) &= \mathbf{q}_i(\mathbf{q}_i(\boldsymbol{\mu})) = \mathbf{q}_i(\mathcal{Q}_{\mathbf{A}_i} \boldsymbol{\mu} + \boldsymbol{\mu}_i^*) = \mathcal{Q}_{\mathbf{A}_i}(\mathcal{Q}_{\mathbf{A}_i} \boldsymbol{\mu} + \boldsymbol{\mu}_i^*) + \boldsymbol{\mu}_i^* \\ &= \mathcal{Q}_{\mathbf{A}_i}^2 \boldsymbol{\mu} + \mathcal{Q}_{\mathbf{A}_i} \boldsymbol{\mu}_i^* + \boldsymbol{\mu}_i^* \stackrel{(2.62)}{=} \mathcal{Q}_{\mathbf{A}_i} \boldsymbol{\mu} + \boldsymbol{\mu}_i^* = \mathbf{q}_i(\boldsymbol{\mu}) \end{aligned}$$

idempotent. Damit entspricht eine Subiteration eines Kaczmarz-Verfahrens der Art

$$\boldsymbol{\mu}_{n+1} = \boldsymbol{\mu}_n + \omega \mathbf{A}_{i_n}^\dagger (\mathbf{p}_{i_n} - \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_n) \quad (2.63)$$

für den Parameter $\omega = 1$ einer affinen orthogonalen Projektion, weswegen wir diese Formulierung als *klassischen Typ* bezeichnen wollen.

Wählen wir ein beliebiges $\boldsymbol{\nu}^0 \in \text{Kern}(\mathbf{A}) =: \mathbf{H}^0$, so gilt für die Lösung $\boldsymbol{\mu}^*$

$$\begin{aligned} \langle \boldsymbol{\mu}^*, \boldsymbol{\nu}^0 \rangle &= \langle \mathbf{A}^\dagger \mathbf{p}, \boldsymbol{\nu}^0 \rangle \stackrel{(\text{MP2})}{=} \langle \mathbf{A}^\dagger \mathbf{A} \mathbf{A}^\dagger \mathbf{p}, \boldsymbol{\nu}^0 \rangle = \langle \mathbf{A}^\dagger \mathbf{p}, (\mathbf{A}^\dagger \mathbf{A})^T \boldsymbol{\nu}^0 \rangle \\ &\stackrel{(\text{MP4})}{=} \langle \mathbf{A}^\dagger \mathbf{p}, \mathbf{A}^\dagger (\mathbf{A} \boldsymbol{\nu}^0) \rangle = \langle \mathbf{A}^\dagger \mathbf{p}, \mathbf{A}^\dagger \mathbf{0} \rangle = \mathbf{0}. \end{aligned} \quad (2.64)$$

Demnach liegt $\boldsymbol{\mu}^* \in \text{Kern}(\mathbf{A})^\perp =: \mathbf{H}^{0,\perp}$ in dem orthogonalen Komplement von \mathbf{H}^0 .

Bemerkung Der nachfolgende Satz zusammen mit dem Beweis stellt wie bei den bisherigen Aussagen eine Aufarbeitung der Erkenntnisse unserer Leitfäden aus den Werken von Natterer und Wübbeling [NW01] und Natterer [Nat01] dar. Jedoch wollen wir an dieser Stelle darauf hinweisen, dass hier eine schwächere Formulierung verwendet wird. So betrachten wir insbesondere nur Operationen auf endlichdimensionalen Vektorräumen im Gegensatz zur genannten Literatur.

Das auf den *Satz zur Konvergenz* nachfolgende kleine *Lemma zur Konvergenz* ist dagegen im Rahmen dieser Arbeit von Bannasch und Warnecke formuliert, beziehungsweise bewiesen worden und wurde bislang noch nicht in der Literatur gefunden. \square

Satz 2.4.2: Satz zur Konvergenz:
Nach Natterer und Wübbeling [NW01, Theorem 5.1]

Es sei eine Unterteilung, wie in (2.59) illustriert, eines konsistenten CT-Systems $\mathbf{A}\boldsymbol{\mu} = \mathbf{p}$ mit den Abbildungen $\mathbf{A}_i : \boldsymbol{\mu} \rightarrow \mathbf{p}_i$ und $i = 1, \dots, P \leq N$ gegeben. Wir setzen voraus, dass für alle $i \in \{1, \dots, P\}$ die Matrix $\mathbf{A}_i \in \mathbb{R}^{N_i \times M}$ unterbestimmt ist. Weiter sei für alle $\nu \in \mathbb{R}^{N_i}$ eine positiv definite, symmetrische Matrix $\mathbf{C}_i \in \mathbb{R}^{N_i \times N_i}$ mit

$$\langle \nu, \mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T \nu \rangle \leq \langle \nu, \mathbf{C}_i^{-1} \nu \rangle \quad (2.65)$$

vorgegeben und der Relaxationsparameter ω mit $0 < \omega < 2$ eingeschränkt. Dann konvergiert die Folge aus Gleichung (2.60)

$$\boldsymbol{\mu}_{n+1} = \boldsymbol{\mu}_n + \omega \mathbf{A}_{i_n}^T \mathbf{C}_{i_n} (\mathbf{p}_{i_n} - \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_n)$$

gegen die Lösung minimaler Norm $\boldsymbol{\mu}^* \in \bigcap_{i=1}^P \mathbb{H}_i$.

Beweis Definieren wir für einen Relaxationsparameter $0 < \omega < 2$ beziehungsweise für die Substitution $0 < \tilde{\omega} := 2\omega - \omega^2$ die verallgemeinerten Abbildungsvorschriften

$$\begin{aligned} \mathcal{Q}_i &:= \mathbf{I} - \omega \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i, \\ \tilde{\mathcal{Q}}_i &:= \mathbf{I} - \tilde{\omega} \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i, \end{aligned}$$

dann folgt mit der weiteren Substitution $\nu := \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}$ und der Voraussetzung (2.65) die Abschätzung

$$\begin{aligned} \|\mathcal{Q}_i \boldsymbol{\mu}\|_2^2 &= \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - 2\omega \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle + \omega^2 \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu} \rangle \\ &= \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - 2\omega \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle + \omega^2 \langle \mathbf{A}_i^T \nu, \mathbf{A}_i^T \nu \rangle \\ &= \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - 2\omega \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle + \omega^2 \langle \nu, \mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T \nu \rangle \\ &\stackrel{(2.65)}{\leq} \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - 2\omega \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle + \omega^2 \langle \nu, \mathbf{C}_i^{-1} \nu \rangle \\ &= \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - 2\omega \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle + \omega^2 \langle \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \mathbf{C}_i^{-1} \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu} \rangle \\ &= \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - 2\omega \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle + \omega^2 \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle \\ &= \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - \tilde{\omega} \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle = \langle \tilde{\mathcal{Q}}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle. \end{aligned}$$

Die Substitution $\tilde{\omega}(\omega) = 2\omega - \omega^2 = \omega(2 - \omega)$ stellt eine nach unten geöffnete Parabel dar, welche an der Stelle $\omega = 1$ ihr Maximum annimmt. Somit liefert sie für $0 < \omega < 2$ strikt positive Werte und $\langle \tilde{\mathcal{Q}}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle$ ist mit $\tilde{\omega}(1) = 1$ durch $\|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle$ nach unten beschränkt.

Es gilt demnach für ein normiertes $\boldsymbol{\mu} \in \mathbb{R}^M$ und einen Parameter $0 < \omega < 2$ beliebig, aber fest,

$$0 \leq \|\mathcal{Q}_i \boldsymbol{\mu}\|_2^2 \leq \langle \tilde{\mathcal{Q}}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle = \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - \tilde{\omega} \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle \leq \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 = 1. \quad (2.66)$$

Nach dieser Vorarbeit betrachten wir nun den Differenzvektor $\mathbf{e}_n \in \mathbb{R}^M$ zwischen der Lösung minimaler Norm $\boldsymbol{\mu}^*$ und der Folge aus Gleichung (2.60)

$$\begin{aligned} \mathbf{e}_{n+1} := \boldsymbol{\mu}^* - \boldsymbol{\mu}_{n+1} &= \boldsymbol{\mu}^* - \left(\boldsymbol{\mu}_n + \omega \mathbf{A}_{i_n}^T \mathbf{C}_{i_n} (\mathbf{p}_{i_n} - \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_n) \right) \\ &= \boldsymbol{\mu}^* - \boldsymbol{\mu}_n - \omega \mathbf{A}_{i_n}^T \mathbf{C}_{i_n} (\mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}^* - \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_n) \\ &= \boldsymbol{\mu}^* - \omega \mathbf{A}_{i_n}^T \mathbf{C}_{i_n} \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}^* - \left(\boldsymbol{\mu}_n - \omega \mathbf{A}_{i_n}^T \mathbf{C}_{i_n} \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_n \right) \\ &= \mathcal{Q}_{i_n}(\boldsymbol{\mu}^* - \boldsymbol{\mu}_n) := \mathcal{Q}_{i_n} \mathbf{e}_n. \end{aligned}$$

Setzen wir den Anfangswert $\boldsymbol{\mu}_0 = \mathbf{0}$, und betrachten das Residuum nach der $(n - 1)$ -ten Subiteration. Mit der Kongruenz $i_n \equiv i \in \{1, \dots, P\}$, dem Schleifenindex $m := n \cdot P$ und der Komposition $\mathcal{Q} = \prod_{i=1}^P \mathcal{Q}_i$ folgt für die m -te (vollständige) Iteration

$$\mathbf{e}_m := \prod_{i=1}^P \mathcal{Q}_i \mathbf{e}_{m-1} = \mathcal{Q} \mathbf{e}_{m-1} = \mathcal{Q}^m \mathbf{e}_0 = \mathcal{Q}^m \boldsymbol{\mu}^*. \quad (2.67)$$

Es gilt für ein normiertes $\boldsymbol{\mu}$ mit der Abschätzung (2.66)

$$\|\mathcal{Q}\boldsymbol{\mu}\|_2^2 \leq \prod_{i=1}^P \|\mathcal{Q}_i \boldsymbol{\mu}\|_2^2 \leq \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 = 1.$$

Das Verfahren konvergiert also nach dem Banach'schen Fixpunktsatz dann, wenn $\lim_{m \rightarrow \infty} \|\mathbf{e}_m\| = 0$ wegen $\|\mathcal{Q}\| < 1$ verschwindet.

Wir erhalten in der Ungleichung (2.66) Gleichheit mit $\|\mathcal{Q}_i \boldsymbol{\mu}\|_2 = 1$, wenn $\boldsymbol{\mu} \neq \mathbf{0}$ im Kern von \mathbf{A} liegen würde. In diesem Fall würde die Matrix \mathcal{Q} keine Kontraktion bewirken. Das können wir aber ausschließen, da wir mit Gleichung (2.64) geklärt haben, dass die Lösung minimaler Norm mit $\boldsymbol{\mu}^* \in \mathbf{H}^{0,\perp}$ im orthogonalen Komplement zu \mathbf{H}^0 dem Kern von \mathbf{A} liegt. Wir finden im Umkehrschluss also mindestens eine Submatrix $\mathbf{A}_i \in \mathbb{R}^{N_i \times M}$, für welche $\boldsymbol{\mu}^* \notin \mathbf{H}_i^0 \subset \mathbf{H}^0$ gelten muss. Andernfalls würde $\boldsymbol{\mu}^* \in \mathbf{H}_i^0 \cap \mathbf{H}^{0,\perp}$ für alle $i \in \{1, \dots, P\}$ und damit $\boldsymbol{\mu}^* \in \mathbf{H}^0 \cap \mathbf{H}^{0,\perp}$ folgen, also $\boldsymbol{\mu}^* = \mathbf{0}$.

Das Bild(\mathcal{Q}) ist demnach auf dem Schnitt von $\mathbf{H}^{0,\perp}$ mit der Einheitskugel $\|\mathcal{Q}\boldsymbol{\mu}\|_2^2 \leq 1$ durch

$$\|\mathcal{Q}\|_{2, \mathbf{H}^{0,\perp}}^2 = \max_{\substack{\|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 \leq 1, \\ \boldsymbol{\mu} \in \mathbf{H}^{0,\perp}}} \|\mathcal{Q}\boldsymbol{\mu}\|_2^2 \leq \prod_{i=1}^P \max_{\substack{\|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 \leq 1, \\ \boldsymbol{\mu} \in \mathbf{H}_i^{0,\perp}}} \|\mathcal{Q}_i \boldsymbol{\mu}\|_2^2 < 1$$

beschränkt, da mindestens ein \mathcal{Q}_i mit $\|\mathcal{Q}_i \boldsymbol{\mu}\|_{2, \mathbf{H}^{0,\perp}}^2 < 1$ existiert. Also beschreibt die Matrix \mathcal{Q} , eingeschränkt auf $\mathbf{H}^{0,\perp}$, mit $\mathcal{Q} : \mathbf{H}^{0,\perp} \rightarrow \mathbf{H}^{0,\perp}$ eine Kontraktion, und der Fehler nach Gleichung (2.67) in der Grenzwertbetrachtung

$$\lim_{m \rightarrow \infty} \|\mathcal{Q}^m \boldsymbol{\mu}^*\|_{2, \mathbf{H}^{0,\perp}}^2 = 0$$

verschwindet. Schließlich ist der Satz zur Konvergenz der Klasse der Kaczmarz-Verfahren bewiesen. \square

Dieser Satz liefert uns demnach eine notwendige Bedingung dafür, wie eine ART konstruiert werden muss. Er hat jedoch das kleine Defizit, dass so die Konvergenz der klassischen Verfahren (2.63) im Allgemeinen nicht erklärt wird. So wird in der Literatur mit $\mathbf{A}_i^- = \mathbf{A}_i^T (\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T)^{-1}$ das klassische Kaczmarz-Verfahren mit der Form

$$\boldsymbol{\mu}_{n+1} = \boldsymbol{\mu}_n + \omega \mathbf{A}_{i_n}^- (\mathbf{p}_{i_n} - \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_n) = \boldsymbol{\mu}_n + \omega \mathbf{A}_i^T (\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T)^{-1} (\mathbf{p}_{i_n} - \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_n)$$

beschrieben. Die Konvergenz dieser klassischen Verfahren ist nach dem ursprünglichen Satz nur für Subsysteme mit einer Matrix ohne Rangdefizit erklärt. Wollen wir aber nun einen (klassischen) Subiterationsschritt berechnen, der beispielsweise aus den zwei zusammengefassten (3×9) -Subsystemmatrizen aus Gleichung (2.52)

$$\mathbf{A}_i = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

besteht, dann existiert die Inverse $(\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T)^{-1} = \mathbf{C}_i$ nicht. Denn die quadratische Form hat den $\text{Rang}(\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T) = N_i - 1 = 5$ und ist positiv semidefinit. Nach dem eben erklärten Satz müsste also ein \mathbf{C}_i^{-1} gewählt werden, das invertierbar ist, jedoch nicht mehr exakt der quadratischen Form entspricht. Das ist in der Praxis zwar unproblematisch, jedoch kann mit

$$\mathbf{A}_i^T (\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T)^\dagger = \mathbf{A}_i^T (\mathbf{A}_i^T)^\dagger \mathbf{A}_i^\dagger = (\mathbf{A}_i^\dagger \mathbf{A}_i)^T \mathbf{A}_i^\dagger \stackrel{(\text{MP3})}{=} \mathbf{A}_i^\dagger \mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^\dagger \stackrel{(\text{MP2})}{=} \mathbf{A}_i^\dagger \quad (2.68)$$

die symmetrisch positiv semidefinite Konditionsmatrix $\mathbf{C}_i = (\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T)^\dagger$ definiert werden. Dann erhalten wir aus der Iterationsvorschrift (2.60) wieder den klassischen Typ eines Kaczmarz-Verfahrens (2.63). Das folgende kleine Lemma zeigt uns, dass die Aussage des Satzes mit dieser Verallgemeinerung retrospektiv erweitert werden kann und nicht an Gültigkeit verliert.

Lemma 2.4.1: Lemma zur verallgemeinerten Konvergenz

Sei die Konditionsmatrix \mathbf{C}_i lediglich symmetrisch positiv semidefinit, sodass die Bedingung (2.65) im *Satz zur Konvergenz* in der verallgemeinerten Formulierung

$$\langle \boldsymbol{\nu}, \mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T \boldsymbol{\nu} \rangle \leq \langle \boldsymbol{\nu}, \mathbf{C}_i^\dagger \boldsymbol{\nu} \rangle \quad (2.69)$$

vorliegt. Dann konvergiert das Verfahren (2.60) und damit insbesondere die klassischen Kaczmarz-Verfahren gemäß Gleichung (2.63) ebenfalls für Subsystemmatrizen \mathbf{A}_i mit Rangdefizit.

Beweis Mit der Substitution $\boldsymbol{\nu} := \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}$ sowie der Voraussetzung (2.69) bleibt die Abschätzung aus Gleichung (2.66)

$$\|\mathcal{Q}_i \boldsymbol{\mu}\|_2^2 \leq \langle \tilde{\mathcal{Q}}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle = \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - \tilde{\omega} \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle \leq \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 = 1$$

weiterhin durch

$$\begin{aligned} \|\mathcal{Q}_i \boldsymbol{\mu}\|_2^2 &= \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - 2\omega \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle + \omega^2 \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu} \rangle \\ &= \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - 2\omega \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle + \omega^2 \langle \mathbf{A}_i^T \boldsymbol{\nu}, \mathbf{A}_i^T \boldsymbol{\nu} \rangle \\ &= \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - 2\omega \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle + \omega^2 \langle \boldsymbol{\nu}, \mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T \boldsymbol{\nu} \rangle \\ &\stackrel{(2.69)}{\leq} \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - 2\omega \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle + \omega^2 \langle \boldsymbol{\nu}, \mathbf{C}_i^\dagger \boldsymbol{\nu} \rangle \\ &= \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - 2\omega \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle + \omega^2 \langle \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \mathbf{C}_i \mathbf{C}_i^\dagger \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu} \rangle \\ &\stackrel{(\text{MP1})}{=} \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - 2\omega \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle + \omega^2 \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle \\ &= \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 - \tilde{\omega} \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle = \langle \tilde{\mathcal{Q}}_i \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\mu} \rangle, \end{aligned}$$

gültig. Unter der Verwendung der Identität aus Gleichung (2.68) folgt Gleichheit für $\mathbf{C}_i^\dagger = \mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T$. Damit wir die Argumentationskette des Beweises zum Satz zur Konvergenz übernehmen können, müssen wir noch sicherstellen, dass die Matrix \mathcal{Q} mit $\|\mathcal{Q}\|_{2, \mathbb{H}^{0,\perp}}^2 < 1$ weiterhin eine Kontraktion $\mathcal{Q} : \mathbb{H}^{0,\perp} \rightarrow \mathbb{H}^{0,\perp}$ definiert.

Aufgrund der verallgemeinerten Konditionsmatrix \mathbf{C}_i müssen wir für mindestens ein $i \in \{1, \dots, P\}$ $\tilde{\boldsymbol{\nu}} := \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}$ mit $\boldsymbol{\mu} \notin \mathbb{H}^0$ sicherstellen, dass $\tilde{\boldsymbol{\nu}}$ nicht im Kern von \mathbf{C}_i liegt. Ansonsten könnten wir $\|\mathcal{Q}\|_{2, \mathbb{H}^{0,\perp}}^2 = 1$ nicht ausschließen und damit die Konvergenz nicht gewährleisten. Wir müssen daher noch für ein beliebiges nicht-triviales $\boldsymbol{\mu} \in \mathbb{H}^{0,\perp}$ beweisen, dass die Abschätzung (2.69) $\mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu} = \tilde{\boldsymbol{\nu}} \notin \text{Kern}(\mathbf{C}_i)$ für wenigstens einen Index i impliziert.

Zunächst wollen wir jedoch vorher zeigen, dass $\text{Kern}(\mathbf{C}_i) = \text{Kern}(\mathbf{C}_i^\dagger)$ gilt. Dazu existiere

zumindest ein nicht-triviales Kernelement $\mathbf{u} \in \text{Kern}(\mathbf{C}_i)$. Es bezeichne $\mathbf{i} \in \mathbb{R}^{N_i}$ den N_i -ten kanonischen Einheitsvektor $\mathbf{i} := (0, \dots, 0, 1)$. Die Matrix \mathbf{C}_i ist symmetrisch und lässt sich mit der Singulärwertzerlegung in die Form $\mathbf{C}_i = \mathbf{U}\mathbf{\Sigma}\mathbf{U}^T$ überführen. So können wir das Kernelement $\mathbf{u} \in \text{Kern}(\mathbf{C}_i) = \text{Kern}(\mathbf{C}_i^T)$ ohne Beschränkung der Allgemeinheit durch $\mathbf{u} = \mathbf{U} \cdot \mathbf{i}$ darstellen. Denn es gilt

$$\mathbf{C}_i \mathbf{u} = \mathbf{U}\mathbf{\Sigma}\mathbf{U}^T \mathbf{U} \cdot \mathbf{i} = \mathbf{U}\mathbf{\Sigma} \cdot \mathbf{i} = \mathbf{0}, \quad (2.70)$$

da mit $K < N_i$ die Matrix $\mathbf{\Sigma}$ der Diagonalmatrix $\mathbf{\Sigma} = \text{diag}(\sigma_1, \dots, \sigma_K, 0, \dots, 0)^T \in \mathbb{R}^{N_i \times N_i}$, wie in Kapitel 2.2 diskutiert, entspricht.

Für die Pseudoinverse mit $\mathbf{\Sigma}^\dagger = \text{diag}(\sigma_1^{-1}, \dots, \sigma_K^{-1}, 0, \dots, 0) \in \mathbb{R}^{N_i \times N_i}$ sehen wir analog, dass das Kernelement $\mathbf{u} \in \text{Kern}(\mathbf{C}_i)$ mit

$$\mathbf{C}_i^\dagger \mathbf{u} = \mathbf{U}\mathbf{\Sigma}^\dagger \mathbf{U}^T \mathbf{U} \cdot \mathbf{i} = \mathbf{U}\mathbf{\Sigma}^\dagger \cdot \mathbf{i} = \mathbf{0},$$

da $\mathbf{i} \in \text{Kern}(\mathbf{\Sigma}) = \text{Kern}(\mathbf{\Sigma}^\dagger)$ gilt, ebenfalls im $\text{Kern}(\mathbf{C}_i^\dagger)$ liegt. Diese Überlegung lässt sich für jedes weitere nicht-triviale Kernelement erweitern, sodass die Behauptung $\text{Kern}(\mathbf{C}_i) = \text{Kern}(\mathbf{C}_i^\dagger)$ folgt.

Betrachten wir nun ein $\tilde{\mathbf{v}} = \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}$, so lässt sich der Term $\langle \tilde{\mathbf{v}}, \mathbf{C}_i^\dagger \tilde{\mathbf{v}} \rangle$ durch die Abschätzung (2.69)

$$\langle \tilde{\mathbf{v}}, \mathbf{C}_i^\dagger \tilde{\mathbf{v}} \rangle \geq \langle \tilde{\mathbf{v}}, \mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T \tilde{\mathbf{v}} \rangle = \langle \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu} \rangle = \langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \mathbf{A}_i^T \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu} \rangle = \|\mathbf{A}_i^T \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}\|_2^2$$

nach unten beschränken. Nach dem *Fundamentalsatz der linearen Algebra*, nachzulesen im Buch von Strang [Str88], gilt $\text{Kern}(\mathbf{A}_i^T \mathbf{A}_i) = \text{Kern}(\mathbf{A}_i)$. Wählen wir demnach ein normiertes Element $\boldsymbol{\mu} \in \mathbb{H}^{0,\perp}$ aus dem orthogonalen Komplement zum $\text{Kern}(\mathbf{A}_i)$, dann finden wir mindestens ein $i \in \{1, \dots, P\}$, sodass wir mit

$$\langle \tilde{\mathbf{v}}, \mathbf{C}_i^\dagger \tilde{\mathbf{v}} \rangle \geq \|\mathbf{A}_i^T \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}\|_{2, \mathbb{H}^{0,\perp}}^2 > 0$$

ein nicht-triviales $\tilde{\mathbf{v}} \notin \text{Kern}(\mathbf{C}_i^\dagger)$ erhalten. Aufgrund von $\text{Kern}(\mathbf{C}_i^\dagger) = \text{Kern}(\mathbf{C}_i)$ impliziert $\boldsymbol{\mu} \in \mathbb{H}^{0,\perp}$ daher auch, dass $\mathbf{0} \neq \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu} = \tilde{\mathbf{v}} \notin \text{Kern}(\mathbf{C}_i)$ gilt. Weiter existiert schließlich für diesen Index i ein $\mathcal{Q}_i = \mathbf{I} - \omega \mathbf{A}_i^T \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i$, das aufgrund

$$\langle \tilde{\mathbf{v}}, \mathbf{C}_i \tilde{\mathbf{v}} \rangle = \langle \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu}, \mathbf{C}_i \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu} \rangle > 0$$

die Bedingung $\|\mathcal{Q}_i\|_{2, \mathbb{H}_i^{0,\perp}}^2 < 1$ erfüllt, da die Konditionsmatrix \mathbf{C}_i positiv semidefinit ist.

Folglich ist die Abbildung $\mathcal{Q} : \mathbb{H}^{0,\perp} \rightarrow \mathbb{H}^{0,\perp}$ mit

$$\|\mathcal{Q}\|_{2, \mathbb{H}^{0,\perp}}^2 \leq \prod_{i=1}^P \|\mathcal{Q}_i\|_{2, \mathbb{H}_i^{0,\perp}}^2 < 1$$

nach dem Banach'schen Fixpunktsatz eine Kontraktion und das Lemma zur verallgemeinerten Konvergenz ist bewiesen.

Das heißt, die Verfahren der Klasse (2.60) konvergieren ebenfalls mit der verallgemeinerten Bedingung (2.69) und damit insbesondere auch die klassischen Verfahren (2.63), bei denen mit $\text{Rang}(\mathbf{A}_i) < N_i$ ein Rangdefizit in den Subsystemen vorliegt. \square

Bemerkung Für eine allgemeine Matrix $\mathbf{C} \in \mathbb{R}^{N \times M}$ mit nicht-trivialem Kern gilt analog zum Beweis des letzten Lemmas (siehe Gleichung (2.70)) mit dem N -ten Einheitsvektor $\mathbf{i} \in \mathbb{R}^N$, dem Vektor $\mathbf{u} := \mathbf{U} \cdot \mathbf{i}$

$$\begin{aligned} \mathbf{C}^\dagger \mathbf{u} &= \mathbf{V}\mathbf{\Sigma}^\dagger \mathbf{U}^T \mathbf{U} \cdot \mathbf{i} = \mathbf{V}\mathbf{\Sigma}^\dagger \cdot \mathbf{i} = \mathbf{0}, \\ \mathbf{C}^T \mathbf{u} &= \mathbf{V}\mathbf{\Sigma}^T \mathbf{U}^T \mathbf{U} \cdot \mathbf{i} = \mathbf{V}\mathbf{\Sigma}^T \cdot \mathbf{i} = \mathbf{0} \end{aligned}$$

und damit $\text{Kern}(\mathbf{C}^T) = \text{Kern}(\mathbf{C}^\dagger)$. Weiter ist mit dem M -ten Einheitsvektor $\mathbf{i}' \in \mathbb{R}^M$ und dem Vektor $\mathbf{v} := \mathbf{i}' \cdot \mathbf{V}$ wegen

$$\mathbf{C}_i \mathbf{v} = \mathbf{U} \Sigma \mathbf{V}^T \mathbf{V} \cdot \mathbf{i}' = \mathbf{0}$$

$\mathbf{v} \in \text{Kern}(\mathbf{C})$. Wir sehen daher schnell ein, dass der Kern der Matrix \mathbf{C} also von korrespondierenden letzten Spalten von \mathbf{V} aufgespannt wird. \square

Beispiele

- Setzen wir $N_i = N$, $\mathbf{C} = \mathbf{I}$ und entsprechend $P = 1$, dann erhalten wir das Landweber-Verfahren.
- Setzen wir $N_i = N$, wählen den Startwert $\boldsymbol{\mu}_0 = \mathbf{0}$ und interpretieren die Konditionsmatrix \mathbf{C} als einen Filter \mathbf{C}^F , so liefert das Kaczmarz-Verfahren mit einer Schrittweite $\omega = 1$ eine gefilterte Rückprojektion, wie sie in Kapitel 2.3 diskutiert wurde. Führen wir weitere Iterationen nach Gleichung (2.60) aus, dann liefert die Interpretation als Kaczmarz-Verfahren die sogenannte iterative FBP.
- Weiter bekommen wir mit $\mathbf{C}_i = \mathbf{I}$, der N_i -dimensionalen Einheitsmatrix, das sogenannte Landweber-Kaczmarz Verfahren

$$\boldsymbol{\mu}_{n+1} = \boldsymbol{\mu}_n + \omega \mathbf{A}_{i_n}^T (\mathbf{p}_{i_n} - \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_n)$$

mit dem P -zyklischen Index $i_n \equiv (n \bmod P) + 1$ mit $n \in \mathbb{N}_0$.

- Schließlich entspricht die simultane iterative Rekonstruktionstechnik (2.58) ebenfalls einem Kaczmarz-Verfahren. Das Gesamtsystem in der ursprünglichen Iterationsvorschrift kann ebenfalls mit den Indices $i_n \equiv (n \bmod P) + 1$ mit $n \in \mathbb{N}_0$, $m_n := (i_n - 1) \cdot N_{i_n} + 1$ und $N_n := i_n \cdot N_{i_n}$ auf ein Verfahren mit P Subiterationen

$$(\boldsymbol{\mu}_{n+1})_j = (\boldsymbol{\mu}_n)_j + \frac{1}{\sum_{l=m_n}^{N_n} a_{lj}} \cdot \sum_{l=m_n}^{N_n} a_{lj} \frac{pl - \sum_{k=1}^M a_{lk} \cdot (\boldsymbol{\mu}_n)_k}{\sum_{k=1}^M a_{lk}} \quad (2.71)$$

aufgeteilt werden. Diese Iteration wird simultane algebraische Rekonstruktionstechnik genannt und wurde im Artikel von Ming und Ge [JW03] auf Konvergenz untersucht. In Tabelle 2.2 sehen wir ein kleines Experiment, welches die Konvergenz der verschiedenen Verfahren beschreibt. Wir verwenden die Systemmatrix aus Gleichung (2.52) und lassen die 5-te, 7-te und die 12-te bis 16-te Zeile weg, sodass diese $\text{Rang}(\mathbf{A}) = 8 < 9$ besitzt. Die resultierende Matrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{9 \times 9}$ mit

$$\mathbf{A} = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ \sqrt{2} & 0 & 0 & 0 & \sqrt{2} & 0 & 0 & 0 & \sqrt{2} \\ 0 & 0 & \sqrt{2} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sqrt{2} & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

beschreibt daher ein Rekonstruktionsproblem einer (3×3) -diskretisierten Schicht mit 9 Extinktionen aus insgesamt drei Blickwinkeln mit Parallelstrahlengometrie. Das gesuchte

$P = 1, \text{Rang}(\mathbf{A}) = 8 < N$	Iterationen	Zeit (total)	$\frac{\ \mu_{123} - \mu_{\text{Rek}}\ _2}{M}$
Klassischer Typ ^a	2	$0,3 \cdot 10^{-3}\text{s}$	$5,2 \cdot 10^{-16}$
Landweber-Kaczmarz ^b	327	$1,6 \cdot 10^{-2}\text{s}$	$2,3 \cdot 10^{-8}$
SART	147	$1,8 \cdot 10^{-3}\text{s}$	$2,1 \cdot 10^{-1}$
$P = 3, \text{Rang}(\mathbf{A}_i) = N_i = 3$	Iterationen	Zeit (total)	$\frac{\ \mu_{123} - \mu_{\text{Rek}}\ _2}{M}$
Klassischer Typ	45	$1,3 \cdot 10^{-2}\text{s}$	$1,8 \cdot 10^{-9}$
Landweber-Kaczmarz	129	$1,5 \cdot 10^{-2}\text{s}$	$8,6 \cdot 10^{-9}$
SART	107	$3,2 \cdot 10^{-3}\text{s}$	$2,1 \cdot 10^{-1}$
$P = 9, \text{Rang}(\mathbf{A}_i) = N_i = 1$	Iterationen	Zeit (total)	$\frac{\ \mu_{123} - \mu_{\text{Rek}}\ _2}{M}$
Klassischer Typ ^c	45	$1,5 \cdot 10^{-2}\text{s}$	$1,8 \cdot 10^{-9}$
Landweber-Kaczmarz ^c	45	$1,2 \cdot 10^{-2}\text{s}$	$1,8 \cdot 10^{-9}$
SART	107	$6,0 \cdot 10^{-3}\text{s}$	$2,1 \cdot 10^{-1}$

Tabelle 2.2.: Anzahl an Iterationen verschiedener Kaczmarz-Verfahren im Vergleich

^aDieses Verfahren entspricht der Lösung minimaler Norm.

^bDieses Verfahren entspricht dem Landweber-Verfahren.

^cDieses Verfahren entspricht dem klassischen Kaczmarz-Verfahren.

Objekt $\mu_{123} \in \mathbb{R}^9$ setzen wir dem Vektor $\mu_{123} = (1, 2, \dots, 9)^T$ gleich und berechnen die Projektionen $\mathbf{p} = \mathbf{A}\mu_{123}$. Wir verwenden für die jeweiligen Iterationen das Abbruchkriterium $\|\mu_{n+1} - \mu_n\|_2 < 10^{-8}$, da es sich am Fixpunkt des Landweber-Verfahrens mit

$$\mu_{n+1} - \mu_n = \mathbf{A}^T(\mathbf{p} - \mathbf{A}\mu_n)$$

orientiert. So können wir hier simulieren, dass die Lösung unbekannt ist und retrospektiv vergleichen.

Das Landweber-Kaczmarz-Verfahren konditionieren wir mit $\mathbf{C}_i^{-1} := \|\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T\|_2 \cdot \mathbf{I}$ über den betragsgrößten Eigenwert der quadratischen Form. Des Weiteren integrieren wir bei allen Verfahren die Positivitätsbedingung $\mu_n \geq \mathbf{0}$ für alle $n \in \mathbb{N}_0$.

Die weitaus schwächste Performance liefert die SART. Sie erreicht trotz verhältnismäßig hoher Anzahl an Iterationen den schlechtesten Fehlerwert nach Abbruch. Die dennoch geringere Rechenlaufzeit erreicht diese, da die Konditionsmatrix im Vorfeld bestimmt wurde und während der Rekonstruktion lediglich aufgerufen wird. Bei dem Landweber-Kaczmarz-Verfahren und den Verfahren vom klassischen Typ wird der betragsgrößte Eigenwert $\|\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T\|_2$ beziehungsweise die Pseudoinverse \mathbf{A}_i^\dagger in jeder Subiteration neu berechnet. Das kostet zwar Rechenzeit, ist jedoch bei dieser Größenordnung noch vertretbar. Insbesondere ist die Pseudoinverse \mathbf{A}_i^\dagger einer CT-Rekonstruktion, wie schon angemerkt, im Gegensatz zu $\|\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T\|_2$ im Allgemeinen nicht mehr effizient numerisch bestimmbar. Der betragsgrößte Eigenwert lässt sich mit der sogenannten Potenz-Methode bestimmen, die wir noch im Kapitel 3 mit Gleichung (3.18) kennenlernen werden. Das Landweber-Kaczmarz-Verfahren stellt demnach hier den besten Kompromiss dar.

Bis auf den klassischen Verfahrens-Typ sehen wir, dass die Vergrößerung der Subsysteme tendenziell eine Erhöhung an benötigten Iterationen mit sich führt. Die totale Rechenzeit dagegen verhält sich trotz größerer Anzahl an Iterationen entgegengesetzt. Der Grund hierfür liegt in der Parallelisierung innerhalb einer Subiteration. Das heißt, dass bei einem größeren Subsystem mehr Rechenoperationen für einen Aktualisierungsschritt unabhängig von einander durchgeführt und so je nach Rechenleistung auch schneller verarbeitet werden können. \square

Artikel, wie der von Censor und Elfving [CE02] oder von Elfving [Elf80], bestätigen, dass die Erkenntnisse von Trummer [Tru84] über die Konvergenz des klassischen Kaczmarz-Verfahrens bei inkonsistenten Systemen auf die verallgemeinerte Klasse übertragen werden

können. Die Konvergenz hängt hier stark von der Variation des Relaxationsparameters ω ab, kann jedoch im Wesentlichen erhalten werden und approximiert die Lösung kleinster Quadrate.

Eine notwendige Bedingung ist es hierfür den Relaxationsparameter auf $0 < \omega \leq 1$ einzuschränken. Denn die Verfahren nach Gleichung (2.60) konvergieren zwar mit einem $1 < \omega < 2$ bei konsistenten Systemen, fangen aber mit zunehmendem ω an zu oszillieren.

Dieses Verhalten sehen wir schnell ein, wenn wir mit $\boldsymbol{\mu}_0 = \mathbf{0}$ zwei Subiterationen der Gesamtsystem-Version der Iteration (2.63) mit $P = 1$ und $\mathbf{C} = (\mathbf{A}\mathbf{A}^T)^\dagger$ unter Berücksichtigung der Gleichung (2.68)

$$\boldsymbol{\mu}_{n+1} = \boldsymbol{\mu}_n + \omega \mathbf{A}^\dagger (\mathbf{p} - \mathbf{A}\boldsymbol{\mu}_n)$$

hintereinander ausführen. Wir bekommen für die ersten beiden Iterationen

$$\begin{aligned} \boldsymbol{\mu}_1 &= \omega \mathbf{A}^\dagger \mathbf{p} = \omega \boldsymbol{\mu}^*, \\ \boldsymbol{\mu}_2 &= \boldsymbol{\mu}_1 + \omega \mathbf{A}^\dagger (\mathbf{p} - \mathbf{A}\boldsymbol{\mu}_1) = \omega \mathbf{A}^\dagger \mathbf{p} + \omega \mathbf{A}^\dagger (\mathbf{p} - \omega \mathbf{A}\mathbf{A}^\dagger \mathbf{p}) \\ &= \omega \mathbf{A}^\dagger \mathbf{p} - (\omega^2 - \omega) \mathbf{A}^\dagger \mathbf{p} = (2 - \omega) \omega \boldsymbol{\mu}^*. \end{aligned} \tag{2.72}$$

Wir haben im Beweis des Satzes zur Konvergenz bereits gezeigt, dass das Verfahren mit einer Relaxation $0 < (2 - \omega)\omega = \tilde{\omega}(\omega)$ konvergiert. Bestimmen wir einen Parameter aus $1 < \omega < 2$ mit beispielsweise dem Relaxationsparameter $\omega_{\text{osz}} = 1,5$, so sind wir mit in der ersten Iteration von $\boldsymbol{\mu}_1 = \omega_{\text{osz}} \boldsymbol{\mu}^* = 1,5 \boldsymbol{\mu}^*$ oberhalb der Lösung. Bei der zweiten Iteration befinden wir uns dagegen $\boldsymbol{\mu}_2 = \tilde{\omega}(\omega_{\text{osz}}) \boldsymbol{\mu}^* = 0,75 \boldsymbol{\mu}^*$ unterhalb des Fixpunkts.

Dieses oszillatorische Verhalten wird durch Inkonsistenzen, die vorwiegend durch Rauschen verursacht werden, verstärkt. Das heißt, dass das Verfahren verhältnismäßig schnell divergiert. Dagegen kann man Rauschen entgegenwirken, indem man das Inkrement mit einem Parameter $0 < \omega < 1$ gedämpft einfließen lässt und sich damit dem Fixpunkt von unten annähert.

Folglich kann sich eine simple Regularisierungsmethode für inkonsistente Systeme über eine monoton fallende Folge von Relaxationsparametern mit $0 < \omega_m \leq 1$ ergeben. Im Artikel von Censor und Elving [CE02] beispielsweise wird ein im Vorfeld festgelegter Relaxationsparameter $0 < \omega < 1$ nach jeder vollständigen SART-Iteration potenziert, sodass die Folge $\{\omega^m\}_{m \in \mathbb{N}_0}$ mit $\lim_{n \rightarrow \infty} \omega^m = 0$ eine simple Regularisierungsmethode darstellt.

Bemerkung Weitergehende Regularisierungsstrategien, wie in Haltmeier et al. [HKLaS07] beschrieben und analysiert, stellen auch spezielle Abbruchkriterien dar. Diese können die Stabilität des Kaczmarz-Verfahrens derart erhöhen, dass die Konvergenz bei nicht-linearen schlecht gestellten Problemen gewährleistet werden kann. \square

An dieser Stelle wollen wir zum Beweis vom Satz zur Konvergenz ebenfalls anmerken, dass für ein konsistentes Gesamtsystem mit einer nicht-injektiven, aber surjektiven Abbildung die Initialisierung von $\boldsymbol{\mu}_0 = \mathbf{0}$ wichtig ist, da der Kern der Matrix \mathbf{A} nicht trivial ist. Würden wir einen von Null verschiedenen Startwert mit $\boldsymbol{\mu}_0 \in \mathbf{H}^0$ wählen und wiederholen die Iteration aus Gleichung (2.72)

$$\boldsymbol{\mu}_1 = \boldsymbol{\mu}_0 + \omega \mathbf{A}^\dagger (\mathbf{p} - \mathbf{A}\boldsymbol{\mu}_0) = \boldsymbol{\mu}_0 + \omega \mathbf{A}^\dagger \mathbf{p} = \boldsymbol{\mu}_0 + \omega \boldsymbol{\mu}^*,$$

dann erhalten wir für $\omega = 1$ zwar eine Lösung der Normalengleichung

$$\mathbf{A}^T (\mathbf{p} - \mathbf{A}(\boldsymbol{\mu}_0 + \boldsymbol{\mu}^*)) = \mathbf{A}^T (\mathbf{p} - \mathbf{A}\boldsymbol{\mu}_0 - \mathbf{p}) = \mathbf{0},$$

jedoch genügt sie wegen $\boldsymbol{\mu}_0 \in \mathbf{H}^0$ nicht der Norm-minimierenden Bedingung $\|\boldsymbol{\mu}\|_2^2 \rightarrow \min$. Es muss zum Erreichen der Lösung minimaler Norm der Anfangswert aus dem orthogonalen Komplement zum Kern gewählt werden, wobei wir mit $\boldsymbol{\mu}_0 = \mathbf{0}$ dies simpel sicherstellen können.

Bemerkung Eine potenzielle Methodik, wie man die Informationen aus dem nicht-trivialen Kern für eine Regularisierung ausnutzen kann, wird im (eingereichten) Artikel von Frysch et al. [FBKR19] beschrieben. \square

Die Verallgemeinerung der Klasse der Kaczmarz-Verfahren ermöglicht zusammenfassend eine Variation der Subsystemdimension innerhalb einer Iteration und liefert uns zusätzliche Freiheitsgrade bei der Konzipierung eines iterativen Verfahrens. Beispielsweise ist die Wahl der Matrix C_i zur Konditionierung oder die Relaxation zwar noch abhängig von der Größe und Struktur der Untersysteme, aber eine Inversion der quadratischen Form $A_i A_i^T$, wie bei einer klassischen Formulierung, ist nicht mehr zwingend notwendig. Ebenfalls gewährleistet der Satz zur Konvergenz so die korrekte Integration verschiedener Strategien:

- Die dynamische Veränderung des Dimensionsniveaus N_i (kurz Niveau) der Subsysteme innerhalb einer Rekonstruktion wird auch *Transitschema* genannt. In der CT-Forschung beschreibt man dieses Niveau reziprok über die Angabe von P und wird engl. *level* genannt. Das bedeutet, dass die Unterteilung des Gesamtsystems einer Schleife über die Anzahl an Subsystemen angegeben wird. Das ist sinnvoll, da im Allgemeinen das kleinste Niveau den Extinktionen eines Blickwinkels α entspricht, sodass das größtmögliche P gleich der Anzahl aller Blickwinkel ist. Bei der Systemmatrix aus Gleichung (2.52) beispielsweise variieren so die N_i 's bei $P = 4$ mit $N_1 = N_3 = 3$ und $N_2 = N_4 = 5$. Größere Subsysteme mit kleinerem P können so aus der Komposition mehrerer verschiedener Winkel gebildet werden. Es zeigt sich bei diesem Schema, dass eine Erhöhung der Dimension eines Subsystems bei einer Schleife sich Rausch-reduzierend auf die Rekonstruktion auswirkt.

Konzipieren wir beispielsweise eine ART mit dem Transitschema, das mit dem klassischen Kaczmarz-Verfahren beginnt und mit dem Landweber-Verfahren endet, dann wissen wir, dass das klassische Kaczmarz-Verfahren bei inkonsistenten überbestimmten Systemen nicht gegen die Lösung kleinster Quadrate konvergiert, sondern in einen Grenzyklus, wie in Abbildung 2.15, gerät. Das Landweber-Verfahren dagegen konvergiert gegen die Lösung kleinster Quadrate. Initialisieren wir demnach die Landweber-Iterationen mit dem letzten Kaczmarz-Schritt, entspricht das einem Verfahren, das ohne weitere Regularisierung auf die Lösung kleinster Quadrate führt.

Dieses Phänomen leuchtet uns nicht nur für die ART schnell ein. Denn auch aus physikalisch-mathematischer Sicht erreichen wir durch die Vergrößerung der Datenmenge innerhalb einer Subiteration eine erhöhte Anzahl an Redundanzen, sodass der Messfehler im arithmetischen Mittel reduziert in die Rekonstruktionsalgorithmik mit einfließt. Daher findet die Strategie, mit der Größe eines Blickwinkels zu starten und für die letzten Iterationen das maximale Niveau¹⁴ zu wählen, eine weit verbreitete Anwendung in der CT-Algorithmikentwicklung, wie sie ebenfalls im Artikel von Kim et al. [KPTF12] umgesetzt wird.

Bemerkung In den nächsten Kapiteln werden wir, wie in Tabelle 2.3 entsprechend den Hintergrundinformationen bezüglich Tabelle 2.4 illustriert, die technischen Parameter ergänzend zusammenfassen. Grund hierfür ist, dass wir uns mit dem Voranschreiten dieser Arbeit immer stärker auf die Ergebnisse numerischer Experimente stützen werden. Wir wollen uns so eine kompakte Übersicht über den Versuchsaufbau der verschiedenen CT-Systeme verschaffen. \square

Setzen wir das Transitschema mit $P = 9, 3, 1$ mit einem heuristischen Kriterium für einen dynamischen Niveauwechsel um und setzen das einfache Beispiel mit Tabelle 2.2 fort, dann sehen wir anhand der Tabelle 2.4 bereits, dass sich ein Kompromiss zwischen Rechenlaufzeit, -genauigkeit und Anzahl an benötigten Iterationen eingehen¹⁵ lässt. Wir werden in

¹⁴In der praktischen Umsetzung entspricht die Größe eines Blickwinkels dem Niveau $P = P_{\max}$. Verwendet man die gesamte Datenmenge einer Rotation, so definiert man das Niveau mit $P = 1$.

¹⁵Das Transitschema iteriert 40 mal mit $P = 9$, 41 mal mit $P = 3$ und 42 mal mit $P = 1$.

Technische Parameter	Werte
Winkel-Inkrement	$45, 0^\circ$
Winkelbereich pro Rotation	180°
Anzahl der Detektorpixel	3
Anzahl der Projektionen	3
Volumenauflösung (SL-Phantom)	3×3
Bildgebung	Parallelstrahlen-CT

Tabelle 2.3.: Technische Parameter für den Akquisition-Modus 0

Landweber-Kaczmarz	Iterationen	Zeit (total)	$\frac{\ \mu_{123} - \mu_{\text{Rek}}\ _2}{M}$
$P = 1$	327	$1,6 \cdot 10^{-2}\text{s}$	$2,3 \cdot 10^{-8}$
$P = 3$	129	$1,5 \cdot 10^{-2}\text{s}$	$8,6 \cdot 10^{-9}$
$P = 9$	45	$1,2 \cdot 10^{-2}\text{s}$	$1,8 \cdot 10^{-9}$
Transit: $P = 9, 3, 1$	42	$1,1 \cdot 10^{-2}\text{s}$	$1,0 \cdot 10^{-8}$

Tabelle 2.4.: Anzahl an Iterationen des Landweber-Kaczmarz-Verfahrens bei konsistenten Daten im Vergleich

Kapitel 4 durch komplexere Berechnungen die Anwendung dieses Schemas, wie in Abbildung 4.3, weiter motivieren, da sich die Auswirkungen dieser Regularisierungsstrategie erst bei großen CT-Systemen verstärkt bemerkbar machen.

- Neben dem Transitschema ist die Reihenfolge der Subsysteme innerhalb einer Schleife sowohl für die Konvergenz, als auch für die Stabilität der iterativen Verfahren ein erheblicher Einflussfaktor. Denn die Umsetzung sogenannter geordneter Subsystemschemata (OS, engl. *ordered subset*) besitzt das Potenzial, die Konvergenzordnung weiter zu erhöhen. Eine OS-Strategie besteht darin, vor jeder neuen Iteration eine zufällige Permutation der Subsysteme zu bestimmen, bei der jedem Subsystem eine Auftretts-Wahrscheinlichkeit proportional zum Wert $\|\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T\|_2$ zugeordnet wird. Das daraus resultierende randomisierte Kaczmarz-Verfahren erreicht eine exponentielle Konvergenzordnung, was von Strohmer und Vershynin in den Artikeln [SV08] sowie [SV09] diskutiert wird. Eine andere Strategie wird beispielsweise in Biguri et al. [BDHS16] oder in Fryscht et al. [FPB⁺14] beschrieben. Hier werden die Subsysteme in eine Reihenfolge gebracht, sodass die Projektionsprofile bezüglich des Blickwinkels α maximalen Abstand zum nächsten Folgeglied haben. Also stehen die Strahlen (oder zumindest der zentrale Strahl) zweier aufeinander folgenden Subiterationen im Idealfall senkrecht zueinander. Die Idee ist es, damit den Informationsgehalt, der durch die zweite Iteration einfließt, zu maximieren.

3. Spezielle Methoden der Computertomographie



Abbildung 3.1.: Siemens Artis Zeego (das Bild wurde von Robert Frysch aufgenommen): Wir sehen hier das Angiographiesystem von Siemens mit dem Namen Artis Zeego. Es steht in der *Experimentellen Fabrik* in Magdeburg und wird im Rahmen des Forschungscampus' *STIMULATE* unter anderem für die Optimierung der CT-Bildgebung genutzt (Stand 2018). Aufgrund der Montage der Quelle und des Detektors beziehungsweise der Konstruktionsweise heißt die tomographische Bildgebung mit diesem System C-Bogen-CT oder auch (engl.) *C-Arm CT*. Weiter befindet sich unter der Verkleidung im Bild unten die Quelle und oben ein Flachpaneldetektor.

3.1. Problematiken der C-Bogen-basierten Computertomographie

Während wir bislang einen Zeilendetektor betrachtet haben, wollen wir jetzt einen sogenannten Flachpaneldetektor (kurz Flachdetektor) untersuchen, wie er beispielsweise in dem System in Abbildung 3.1 integriert ist. Eine Problematik entsteht unter anderem durch das verstärkte Auftreten von Messfehlern, was bereits mit dem Begriff *Rauschen* betitelt wurde. Wegen der schlechten Kondition des schlecht gestellten inversen Problems bei CT-Systemen wird dieser Messfehler verstärkt. Die folgenden Algorithmen basieren daher auf heuristischen Ansätzen beziehungsweise Modellen, die durch mathematisch-physikalische Plausibilität schnell zu stabilen Methoden für ein solches inkonsistentes Problem führen. Wir werden diese jedoch hier lediglich pragmatisch motivieren.

Artefakte und die technischen Limitationen der C-Bogen-Systeme

Im Kontext dieser Arbeit haben wir schon erfahren, dass die Absorption eines Röntgenstrahls stark von den Materialeigenschaften des Objekts abhängt, das durchleuchtet wird. Etwas allgemeiner formuliert sind es zum größten Teil Diskrepanzen zwischen der mathematischen Rekonstruktionstheorie und den physikalischen Prozessen, die bei einer Bildgebung auftreten.

Weitere Messfehler technischer Natur können durch Fehler in der Kalibrierung von Quelle, Patient und Detektor entstehen.

Kegelstrahlgeometrie

Der medizinische Vorteil eines Flachdetektors ist, dass der Arzt bei Bedarf in der Lage ist, sich instantan ein Röntgenbild zu generieren. Weiter benötigt das System im Idealfall nur eine Rotation, um das Objekt aus verschiedenen Blickwinkeln zu durchleuchten. Jedoch bewirkt die Kegelstrahlgeometrie wie bei einem Schattenspiel mit einer Taschenlampe eine Vergrößerung des 2D Profils, welche bei einer Fächerstrahlgeometrie durch die Strahlen-Permutation in Parallelstrahlen behoben wird. Hierzu wollen wir kurz anmerken, dass es sich bei der bisher verwendeten Parallelstrahlgeometrie, bei der ein Bleistiftstrahl (siehe Abbildung 2.3) ein Detektorpixel trifft, natürlich um ein vereinfachtes Modell handelt. Jeder auf einem Detektorelement gemessener Strahl stellt einen Kegelstrahl mit einem Spektrum dar.

Ein weiteres Problem ist, dass die Konstruktion eines sphärisch gekrümmten Flachdetektors nicht trivial umsetzbar ist. Die Röntgenstrahlen treffen nicht orthogonal auf die einzelnen Detektorzellen, sodass die Strahlendichte auf dem Flachdetektor vom Isocenter weg zum Detektor-Rand hin abnimmt. Daher sind konventionelle CT im Allgemeinen mit einem in 1D gekrümmten Detektor ausgestattet, sodass die Röntgenstrahlen mit einem (zumindest approximativ) orthogonalen Einfallswinkel auf das jeweilige Detektorelement treffen. Wir behalten in dieser Arbeit jedoch die Annahme bei, dass jeder Röntgenstrahl durch einen monochromatischen Bleistiftstrahl modelliert wird.

Nichtsdestotrotz stellen wir für diese Bildgebung starke Limitationen fest. Denn setzen wir für jeden beliebigen Raumwinkel unendlich viele Strahlen mit Parallelstrahlgeometrie voraus, dann sind die Datenpunkte der Radon-Transformation $\mathcal{R}\mu : \mathcal{S}(\mathbb{R}^3) \rightarrow \mathcal{S}(\mathcal{Z}) \subset \mathbb{R}^4$ auf einem 4D Zylinder definiert. Nach dem Nyquist-Theorem bräuchten wir beispielsweise äquidistant verteilte Projektionen innerhalb einer Kugeltrajektorie $\mathcal{S}^2 \subset \mathbb{R}^3$, um optimale Bedingungen für eine Inversion der 3D-Radon-Transformation mit einer gefilterten Rückprojektion erreichen zu können. Abgesehen von der unrealistischen Anforderung an die Strahlengeometrie ist die Realisierung einer solchen Trajektorie von Quelle und Detektor technisch nicht möglich.

Bei einem konventionellen CT sind wir für die Rekonstruktion einer Schicht aus einer 360°-Aufnahme in der Lage, die Fächerstrahlen vollständig in Parallelstrahlen zu überführen. Das verdeutlicht, dass eine Schicht mit einer hoch abgetasteten Parallelstrahlgeometrie berechnet werden kann. Das 3D CT-Bild wiederum können wir durch eine axiale Abtastung entlang des Patienten durch beispielsweise ein sogenanntes Spiral-CT¹ hinreichend gut approximieren. Ein wesentlicher analytischer Unterschied zwischen Fächerstrahl- und Kegelstrahlgeometrie findet sich demnach direkt in der technischen Realisierung der Datenerhebung wieder.

Tuy [Tuy83] schaffte mit der Definition der Tuy-Bedingung eine abgeschwächte Voraussetzung für eine Kegelstrahl-CT mit einer sogenannten noch *zumutbaren* Bildqualität. Nach dieser Bedingung muss die Trajektorie der Gantry jede beliebige Schnittebene des Objekts mindestens einmal durchkreuzen. Bei einer Zirkulation der Gantry um die Längsachse des Patienten würde das zum Beispiel eine weitere Rotation in senkrechter Laufrichtung benötigen. Details und graphische Illustrationen zur Tuy-Bedingung finden wir im Buch vom Buzug [Buz08].

Wir wählen die Röntgenstrahl-Transformation hier als Grundlagenmodell für die Computertomographie unter Kegelstrahlgeometrie², welche wir kurz *CBCT* (engl. *cone beam CT*) nennen wollen. Denn diese ist stets über Linienintegrale definiert, während die Radon-Transformation aus Integralen über Hyperebenen bestimmt wird. Weiter einigen wir uns darauf, dass mit *CT* ein Einzeilen- beziehungsweise konventionelles CT gemeint ist.

¹Bei einem Spiral-CT wird der Patiententisch während der Rotation der Gantry in axialer Richtung verschoben. Die Verschiebung wurde bereits als Pitch betitelt.

²Es handelt sich beim in Abbildung 3.1 gezeigten System natürlich ebenfalls um ein CBCT-System.

Effekt	Kurzbeschreibung
Rayleigh Photoelektrisch ^a	Ablenkung des Photons durch ein Molekül oder Atom Absorption von Photonen und (innerem) Elektron
Compton ^b	Streuung von Photonen ^c und (äußeren) Elektron
Paarbildung	Bildung eines Elektronen-Positronen-Paares

Tabelle 3.1.: Physikalische Effekte im Röntgenbereich

^aHauptverantwortlich für die Schwächung eines Röntgenstrahls in der medizinischen Bildgebung

^bHauptverantwortlich für Streustrahlung in der medizinischen Bildgebung

^cStreuung mit Energieverlust

Einer der bekanntesten Algorithmen, die für CBCT verwendet werden, ist der sogenannte Feldkamp-Algorithmus (FDK nach Feldkamp, Davis und Kress), der das erste Mal im Artikel von Feldkamp et al. [FDK84] veröffentlicht wurde. Er ist das approximierende Pendant zu einer gefilterten Rückprojektion und wir werden ihn später unter anderen als Vergleichsalgorithmus mit einbeziehen. Wir wollen diesen Algorithmus jedoch im Rahmen dieser Arbeit nicht weiter diskutieren und verweisen für weitere Details auf das Buch von Buzug [Buz08]. Wir wollen nur kurz für eine schnelle Vorstellung bemerken, dass die FDK im Wesentlichen auf der FBP basiert. Sie versucht das Rekonstruktionsproblem bezüglich jeder einzelnen Flachdetektorzeile auf die des zentralen Fächers im Kegel zu überführen. Das heißt insbesondere, dass wir analytisch das beste Ergebnis im CT-Bild mit der zentralen Schicht erwarten können. Nichtsdestotrotz wird die FDK verbreitet für die CBCT genutzt, was sich über die Rechengeschwindigkeit begründet.

Die weitaus größere Problematik beim CBCT besteht aber in der Kompensation von Bildfehlern, den *Artefakten*. Bei einer Computertomographie werden diese vorwiegend durch Rauschen verursacht und wir wollen daher auf diesen Begriff nochmals kurz eingehen.

Physikalische Wechselwirkungen

Die Anzahl der Photonen \mathcal{N} , die proportional zur Strahlungsintensität \mathcal{I} angenommen werden kann, nimmt exponentiell ab, während der Strahl durch beispielsweise einen Körper oder Kopf entlang der Einfallrichtung leuchtet.

Diese Schwächung ist auf Absorption, die schon mit dem Lambert-Beer'sche Gesetz in Kapitel 2.1 beschrieben wurde, aber in der Praxis auch auf Streuung zurückzuführen. Der Grund für eine exponentielle Reduktion der Photonenzahl bei dieser Interpretation liegt darin, dass jedes einzelne Photon durch die Interaktion mit Materie aus dem Röntgenstrahl verschwindet.

Die bekanntesten physikalischen Effekte sind die Rayleigh-Streuung, photoelektrische Absorption, Compton-Streuung und die Paarbildung. Beispielsweise ist für die Energie E aus dem Fenster für medizinische Diagnostik [50keV, 140keV] die Compton-Streuung der dominierende Effekt für Wasser. Für ausführliche Hintergründe zu diesen Effekten, die in Tabelle 3.1 kurz³ beschrieben werden, wollen wir an dieser Stelle wieder auf das Buch von Buzug [Buz08] verweisen. Wir halten aber fest, dass nicht nur die erwarteten, sondern auch die gestreuten Photonen von den Detektorelementen gemessen werden.

Während ein erheblicher Anteil der Streustrahlen bei einem CT durch ein sogenanntes Streustrahlengitter kompensiert wird, ist die Konstruktion einer solchen technischen Lösung für CBCT nur sehr bedingt realisierbar.

Ein Streustrahlengitter besteht im Grunde aus Lamellen aus absorbierendem Material, welche zwischen den Detektorzellen angebracht und zur Quelle ausgerichtet sind. So wird

³Die Effekte sind von oben nach unten proportional zum größer werdenden Energieniveau geordnet, bei dem sie zum dominierenden der genannten Effekte werden.

hauptsächlich nur die Strahlung gemessen, die wir geometrisch erwarten, und der Rest wird durch das Gitter idealerweise absorbiert.

Eine effiziente CBCT-Konstruktion müsste daher der Kegelstrahlgeometrie entsprechen und ist im Detektorzentrum besonders problematisch umzusetzen. Wir können also für das weitere Fortschreiten dieser Arbeit annehmen, dass kein Gitter bei der Akquisition vorhanden ist.

Folglich werden wir uns in diesem Kapitel mit Methoden beschäftigen Rauschen in der CT-Bildrekonstruktion zu kompensieren. Verfahren, die dazu in der Lage sind, sind daher insbesondere für CBCT interessant.

Ein weiteres CT-Bild- verfälschendes Phänomen haben wir bereits mit Gleichung (2.2) in Kapitel 2.1 kurz angedeutet und heißt Strahlenaufhärtung (engl. *beam hardening*). Die daraus entstehenden Artefakte werden wir in dieser Arbeit nicht weiter berücksichtigen, wollen dieses Phänomen aber der Vollständigkeit halber oberflächlich erklären.

Der wesentliche Anteil, der die Röntgenstrahlung⁴ ausmacht, besteht aus der Bremsstrahlung. Wie der Name bereits andeutet, entsteht diese elektromagnetische Strahlung durch eine Impulsänderung eines geladenen Teilchens in Materie. In einer Röntgenröhre sind das Elektronen, die gerichtet auf eine Anode treffen. Der daraus kollimierte Austrittsstrahl ist daher eigentlich ein polychromatisches Röntgenspektrum. Das heißt, dass die einzelnen Photonen verschiedene Energien besitzen und in Abhängigkeit der Materialeigenschaften unterschiedlich absorbiert werden.

Niederenergetische Photonen werden durchschnittlich stärker gestreut oder absorbiert, als es bei den höherenergetischen Photonen der Fall ist. Mit zunehmender Materialtiefe, die der Strahl durchdringt, besteht der Röntgenstrahl durchschnittlich aus höherenergetischen Anteilen. Das bedeutet in anderen Worten, dass das Spektrum des Strahl kumuliert und sich bei kontinuierlicher Absorption hin zu einer höheren Energie verschiebt. Im Allgemeinen sind die CT-Geräte aber nicht mit energieauflösenden Detektoren ausgestattet, sodass ein Detektorelement lediglich die deponierte Gesamtenergie eines Strahls messen kann. Das wiederum entspricht lediglich der durchschnittlichen Photonenenergie, sodass Tiefeninformationen verloren gehen können. Die dadurch entstehenden Bildfehler werden als Aufhärtungsartefakte bezeichnet.

Beispiel Wir machen ein kleines Gedankenexperiment und rekonstruieren ein rotations-symmetrisches Objekt aus homogenem Material wie einen Wasserzylinder. Nach dem Lambert-Beer'schen Gesetz aus Gleichung (2.3) erwarten wir demnach ein CT-Bild, das in jeder 2D-Schicht eine homogene Kreisscheibe aufzeigt. Tatsächlich werden die Strahlen mit zunehmender Nähe zum Isocenter tendenziell stärker aufgehärtet als die im äußeren Bereich. Dieser nicht-lineare Zusammenhang zwischen Extinktion und Schwächungskoeffizient bewirkt in der Rekonstruktion, dass die Grauwerte im CT-Bild eines selbst homogenen Objekts verfälscht werden. Sie werden zum Isocenter hin dunkler, wodurch der Eindruck einer inhomogenen Schwächung entsteht. In Anlehnung an den hyperbolischen Verlauf eines Profilquerschnitts einer 2D-Schicht wird dieser Effekt in der CT-Forschung engl. *cupping artefact* genannt. \square

Um solche Artefakte in der CT-Rekonstruktion zu korrigieren oder ihnen zumindest entgegenzuwirken, existieren verschiedene Methoden. Im Artikel von Bismark et al. [BFR16] wird beispielsweise die iterative polyenergetische statistische Rekonstruktionstechnik als algorithmischer Ansatz vorgestellt. Dieser greift dabei auf ein statisches Verfahren zurück, was noch mit Gleichung (3.10) erklärt wird.

⁴Ein kleinerer Anteil der Strahlung besteht aus sogenannter charakteristischer Strahlung.

C-Bogen-Systeme

Ein C-Bogen-Angiographie-System ist eine offene sowie mobile Konstruktion und wird auch *C-Arm-System* genannt. Das Ensemble von Röntgenröhre und Detektor bewegt sich nicht auf einem Schleifring, sondern ist an einem C-förmigen beweglichen Träger montiert. Diese *offene Gantry* lässt sich so unter anderen entlang des Patienten verschieben und kann begrenzt um ihn rotieren. Im Gegensatz zu einem konventionellen CT ermöglicht das C-Bogen-System so dem Chirurgen eine direkte effiziente Intervention ohne zusätzlichen Patiententransport, da der Zugang zum Patienten während der Operation nicht durch einen fest installierten Ringtunnel erschwert wird.

Diese Fähigkeiten wurden im Laufe der Forschung erweitert, um ebenfalls eine 3D-Bildgebung direkt im Operationssaal bereitzustellen. Denn der medizinische Anspruch besteht unter anderem darin, Operationen für den Patienten effizient und verträglich durchzuführen. Eine Option das zu verwirklichen sind Bild-gestützte minimal-invasive Eingriffe, für welche beispielsweise Angiographie-Systeme wie der Siemens Artis Zeego, siehe Abbildung 3.1, verwendet werden. Ursprünglich bestand die eigentliche Funktionalität neben der Angiographie darin, während des Eingriffs 2D-Projektionen zu generieren, um somit die Position des Katheters oder Ähnliches visuell nachzuvollziehen. Jedoch ergeben sich aus der offenen Bauweise eine Reihe technischer Limitationen für eine akkurate CT-Rekonstruktion.

Im Vergleich zu einem CT ist die Bildqualität, die mit einer C-Bogen-basierten Computertomographie erreicht werden kann, leider wesentlich schlechter. Eine Ursache hierfür ist der Flachdetektor. Aufgrund der mechanischen Trägheit, die bei einer C-Bogen-Rotation wirkt, spielt das Gewicht des Detektor eine tragende Rolle. Die benötigte Leichtbauweise resultierte daher in eine Limitation der Detektorauflösung. Die Folgen sind beispielsweise ein relativ geringes Signal-zu-Rausch-Verhältnis und ein stark eingeschränkter Dynamikbereich.

Eine weitere technische Limitation ist die C-Bogen-Rotation. Durch das Fehlen der Schleifringtechnologie kann der C-Bogen keine kontinuierlichen 360° -Trajektorien fahren, da die Gantry über Kabel angeschlossen ist. Typischerweise besteht eine Rotation lediglich aus Aufnahmen einer Halbkreistrajektorie über 200° (180° plus Öffnungswinkel von $\sim 20^\circ$ des zentralen Fächers), wie in Abbildung 3.2 skizziert. Diese *Kurz-Akquise* wird daher engl. *short scan* genannt.

Zusammen mit der Ambition, die Strahlendosis über die Anzahl an Projektionen zu reduzieren, heißt das daraus resultierende unterabgetastete CT-Problem engl. *limited angle problem*⁵.

3.2. Weiterführende iterative Rekonstruktionstechniken

Iterative Verfahren stellen aufgrund der genannten Problematiken eine probate Alternative zur weit verbreiteten FDK dar. Sie besitzen das Potenzial durch die Integration von statistischen Modellen, Methoden zur Regularisierung und Vorwissen den genannten Problematiken des C-Bogen-CTs entgegenzuwirken. Insbesondere kann durch eine effiziente Kompensation von Rauschen die Weichteilkontrastauflösung verbessert werden.

Darüber hinaus gehört die C-Bogen-CT zu den langsam rotierenden CT-Systemen, wodurch Artefakte verstärkt auftreten, die durch Bewegungen des Patienten bei der Akquise verursacht werden. Eine entsprechende Bewegungskompensation wird im Artikel von Frysch et al. [FR15] für rigide Akquisitionsprotokolle vorgestellt. Die langsame Rotationsgeschwindigkeit stellt darüber hinaus die Hauptproblematik bei der Perfusionsbildgebung dar, welche in Kapitel 4 detaillierter diskutiert wird.

⁵Unterabgetastete Röntgen-basierte bildgebende Verfahren, die aufgrund angularer Limitationen stark eingeschränkt sind, werden auch dem Begriff der *Tomosynthese* untergeordnet.

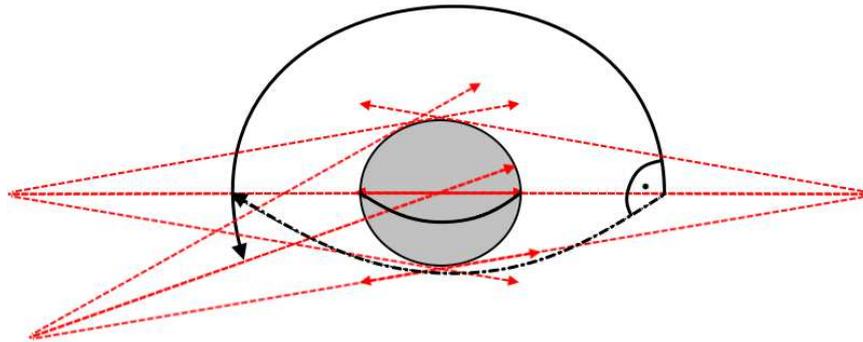


Abbildung 3.2.: Short-scan schematisch skizziert:

Die Halbkreistrajektorie über 180° plus Öffnungswinkel wird im Wesentlichen deswegen gemacht, um zumindest für die zentrale Schicht eine 180° -Abtastung mit Parallelstrahlgeometrie generieren zu können. So kann eine Inversion der Radon-Transformation mittels einer FBP optimal erreicht werden.

Die Redundanzen, die durch Strahlen mit gleicher Geometrie aber unterschiedlichen Blickwinkeln akquiriert werden, gehen mit sogenannten Parker-Gewichten ausgeglichen in die Rekonstruktion ein. Eine CBCT über 360° (engl. *full scan*) kann zumindest bezüglich der zentralen Schicht durch Strahlen-Permutation in zwei 180° Akquisitionen mit Parallelstrahlgeometrie überführt werden. So können wiederum zwei optimale Rekonstruktionen mit der FBP erreicht werden, welche man für das CT-Bild im Allgemeinen anschließend mittelt.

Aufgrund der Kegelstrahlgeometrie ist bei einem C-Bogen-CT schnell ersichtlich, dass die Zumutbarkeit nach Tuy [Tuy83] der Rekonstruktion bei einem 200° -Kurz-Akquise, gekennzeichnet durch den schwarzen vollen Pfeil in Abbildung 3.2, zu den äußeren Schichten hin in Abhängigkeit des Öffnungswinkel abnimmt. Mit einer weiteren Akquisition senkrecht zu der vorangegangenen CBCT-Aufnahme (gekennzeichnet durch den schwarzen gestrichelten Pfeil) kann der Unterabtastung insbesondere im Außenraum entgegengewirkt werden und würde der Tuy-Bedingung genügen.

Die weiteren numerischen Experimente und Rekonstruktionen werden im Versuchsaufbau stets an einer C-Bogen-CT angelehnt sein, auch wenn wir lediglich die offener gehaltene Abkürzung *CBCT* verwenden.

Regularisierung statistischer Verfahren

Bei einer Emissionscomputertomographie (EMCT) wie beispielsweise der Einzelphotonen-Emissionscomputertomographie (SPECT, engl. *single photon emission computed tomography*) oder der Positronen-Emissionstomographie (PET) wird eine schwach radioaktive Substanz in den Organismus injiziert und die Strahlung von außen detektiert. Hier besteht die Brisanz unter anderem darin, dass nur wenige Photonen für die Bildgebung gemessen werden können.

Die EMCT wird daher in den Bücher von Buzug [Buz08] oder Natterer und Wübbeling [NW01] mit einem statistischen Verfahren diskutiert. Es basiert auf der Maximum-Likelihood-Methode aus Kapitel 2.2

$$\exp\left(-\sum_{j=1}^M (p_i - a_{ij}\mu_j)^2\right) \rightarrow \max \quad (2.14)$$

mit $\boldsymbol{\mu} \in \mathbb{R}^M$, $\mathbf{p} \in \mathbb{R}^N$ und einer normalisierten Systemmatrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{N \times M}$, was an dieser Stelle $\mathbf{A}^T \mathbf{1} = \mathbf{1}$ bedeutet. Es wird dabei der sogenannte EM-Algorithmus

$$(\boldsymbol{\mu}_{n+1})_j = (\boldsymbol{\mu}_n)_j \cdot \sum_{i=1}^N a_{ij} \frac{p_i}{\sum_{k=1}^M a_{ik} \cdot (\boldsymbol{\mu}_n)_k} \quad (3.1)$$

für $j = 1, \dots, M$ als statisches EMCT-Rekonstruktionsverfahren vorgestellt, der auf Shepp und Vardi [SV82] zurückgeht.

Bemerkung Das iterative Verfahren in (3.1) konvergiert für den Startwert $\boldsymbol{\mu}_0 > 0$ gegen die Maximum-Bedingung (2.14), wobei wir hier für die Darstellung vom EM-Algorithmus' eine voxelbasierte Notation gewählt haben. Den entsprechenden Konvergenzbeweis finden wir bei Natterer und Wübbeling [NW01]. \square

Die Abgrenzung zum CT besteht darin, dass die Strahlenquelle beim EMCT im Inneren des Körpers verteilt ist und nach außen strahlt. Die Anzahl der detektierten Photonen fließt als statistischer Poisson-verteilter Parameter entsprechend in den EM-Algorithmus mit ein und verspricht aus diesem Grund eine hohe Genauigkeit der Datenauswertung.

Das motiviert uns, diesen Ansatz für die CT-Rekonstruktion ebenfalls zu nutzen. Wir interpretieren dafür die Anzahl der von der Röntgenquelle beziehungsweise -röhre emittierten Photonen proportional zur Eingangsintensität $\mathcal{I}_0 \propto \mathcal{N}_0 \in \mathbb{N}$ und die von einem Detektorelement an der Stelle i gemessenen Photonen als Poisson-verteilte unabhängige Zufallsvariable. Betrachten wir das Lambert-Beer'schen Gesetz 2.1 für die Anzahl der zu erwartenden Photonen pro i -ten Detektorpixel

$$\mathcal{I}_i \propto \bar{\mathcal{N}}_i = \mathcal{N}_0 \cdot \exp\left(\sum_{j=1}^M a_{ij}\mu_j\right), \quad (3.2)$$

so kann diese ebenfalls als proportional zur detektierten Intensität angenommen werden. Sei nun $\mathcal{N}_i \in \mathbb{N}$ die Anzahl gemessener Photonen pro Detektorelement, dann ergibt sich mit $\mathcal{N}, \bar{\mathcal{N}} \in \mathbb{N}_0^N$ die Poisson-verteilte Wahrscheinlichkeit

$$\mathbb{P}(\mathcal{N} | \bar{\mathcal{N}}) = \prod_{i=1}^N \mathbb{P}(\mathcal{N}_i | \bar{\mathcal{N}}_i) = \prod_{i=1}^N \frac{\bar{\mathcal{N}}_i^{\mathcal{N}_i}}{\mathcal{N}_i!} \exp(-\bar{\mathcal{N}}_i) \quad (3.3)$$

aufgrund der Annahme, dass es sich um ein unabhängiges Ereignis handelt. Das Einsetzen der Gleichung (3.2) in die Gleichung (3.3) ergibt das Optimierungsproblem

$$L := \prod_{i=1}^N \frac{\mathcal{N}_0 \cdot \exp(\sum_{j=1}^M a_{ij}\mu_j)^{\mathcal{N}_i}}{\mathcal{N}_i!} \exp(-\mathcal{N}_0 \cdot \exp(\sum_{j=1}^M a_{ij}\mu_j)) \rightarrow \min \quad (3.4)$$

für die Maximum-Likelihood-Methode (ML).

Verwenden wir nun den Logarithmus als streng monotonen stetiges Funktional, so erhalten wir die Funktion $l(\boldsymbol{\mu}) := \ln(L(\boldsymbol{\mu}))$ mit

$$l = \sum_{i=1}^N \left(\mathcal{N}_i \ln(\mathcal{N}_0) - \mathcal{N}_i \sum_{j=1}^M a_{ij}\mu_j - \ln(\mathcal{N}_i!) - \mathcal{N}_0 \exp\left(\sum_{k=1}^M a_{ik}\mu_k\right) \right), \quad (3.5)$$

die maximiert werden muss.

Bemerkung Eine alternative Formulierung der Gleichung (3.5) lautet

$$l = - \sum_{i=1}^N \left(\exp\left(-\sum_{k=1}^M a_{ik}\mu_k\right) + \exp(-p_i) \sum_{k=1}^M a_{ik}\mu_k \right),$$

welche ebenfalls im Artikel von Frysch et al. [FPB⁺14] verwendet wurde. Wir halten uns im Rahmen dieser Arbeit an die Darstellung aus Gleichung (3.5), die im Buch von Buzug [Buz08] dargestellt wird. \square

Für den Fall, dass das Optimum nicht auf dem Rand angenommen wird, berechnen wir (abgekürzt) die für $m = 1, \dots, M$ notwendige Bedingung

$$\partial_m l = \mathcal{N}_0 \sum_{i=1}^N a_{im} \exp\left(-\sum_{j=1}^M a_{ij}\mu_j\right) - \sum_{l=1}^N \mathcal{N}_l a_{lm} = 0 =: \chi_m. \quad (3.6)$$

In Analogie zur Herleitung des EM-Algorithmus' im Werk von Shepp and Yardi [SV82] kann davon ausgegangen werden, dass die Hesse-Matrix $\nabla^2 l(\boldsymbol{\mu}) =: \mathbf{D}(\boldsymbol{\chi})$ von $l(\boldsymbol{\mu})$ mit den Koeffizienten für $n, m = 1, \dots, M$

$$\partial_n \partial_m l = -\mathcal{N}_0 \sum_{i=1}^N a_{in} a_{im} \exp\left(-\sum_{j=1}^M a_{ij}\mu_j\right)$$

negativ semidefinit ist. Damit nimmt l in $\boldsymbol{\mu}^*$ ein globales Maximum an, wenn die Funktionaldeterminante $\det(\mathbf{D}(\boldsymbol{\chi})) \neq 0$ ist.

Im Gegensatz zur Fixpunktiteration, welche⁶ auf Fessler und Lange zurück geht, wollen wir das erweiterte Newton-Verfahren verwenden, um die Gleichung (3.6) zu lösen.

Im skalaren Fall wird das Newton-Verfahren, auch Newton-Raphson-Verfahren genannt, durch die Iterationsvorschrift

$$\mu_{n+1} = \mu_n - \frac{f(\mu_n)}{f'(\mu_n)} \quad (3.7)$$

beschrieben, wobei wir an dieser Stelle voraussetzen, dass die Abbildung $f: \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ in einer Umgebung $[\mu_0, \mu^*]$ mit $f(\mu^*) = 0$ und $f'(\mu) \neq 0$ für alle $\mu \in [\mu_0, \mu^*]$ streng monoton ist. Das erweiterte Newton-Verfahren, welches wir als verbessertes Newton-Verfahren im Buch von Ortega et al. [OR00] oder Schaback und Wendland [SW06] wiederfinden, wird durch

⁶Im Buzug [Buz08] wird für das Lösen von Gleichung (3.6) ein ML-Algorithmus wie der EM-Algorithmus (3.1) hergeleitet, wobei die Karush-Kuhn-Tucker-Bedingungen verwendet werden.

das spätere Abbrechen der Taylor-Entwicklung motiviert.

Stellen wir die Gleichung (3.7) mit $\mu - \mu^* = \frac{f(\mu)}{f'(\mu)}$ um, so erhalten wir für die Taylor-Entwicklung an der Stelle μ^* mit dem Restglied dritter Ordnung

$$\begin{aligned} 0 = f(\mu; \mu^*) &= f(\mu^*) + f'(\mu^*)(\mu - \mu^*) + \frac{1}{2}f''(\mu)(\mu - \mu^*)^2 + \mathcal{O}(\xi^3) \\ &= f(\mu^*) + f'(\mu^*)(\mu - \mu^*) + \frac{1}{2}f''(\mu^*) \left(\frac{f(\mu^*)}{f'(\mu^*)} \right)^2 + \mathcal{O}(\xi^3). \end{aligned}$$

Durch Äquivalenzumformung erhalten wir

$$\mu_{n+1} = \mu_n - \frac{f(\mu_n)}{f'(\mu_n)} - \frac{1}{2}f''(\mu_n) \frac{f(\mu_n)^2}{f'(\mu_n)^3} \quad (3.8)$$

das verbesserte Newton-Verfahren.

Setzen wir nun die Invertierbarkeit der Hesse-Matrix $\det(\mathbf{D}(\boldsymbol{\chi})) \neq 0$ voraus und verwenden wir das einfache Newton-Verfahren, um den Fixpunkt $\boldsymbol{\mu}^*$ der Gleichung (3.6) zu ermitteln, dann erhalten wir für $i = 1, \dots, N$ die Folge

$$\begin{aligned} \boldsymbol{\mu}_{n+1} &= \boldsymbol{\mu}_n - \mathbf{y}_n \text{ mit} \\ \mathbf{D}(\boldsymbol{\chi}(\boldsymbol{\mu}_n))\mathbf{y}_n &= \boldsymbol{\chi}(\boldsymbol{\mu}_n), \end{aligned}$$

wobei hier die Inversion der Hesse-Matrix aufgrund der Dimensionsproblematik bei CT-Systemen wiederum schwierig umzusetzen ist.

Daher approximieren wir die Hessematrix mit der Diagonalmatrix $\text{diag}(\mathbf{D}(\boldsymbol{\chi}))$

$$\partial_n \partial_m 1 = -\mathcal{N}_0 \sum_{i=1}^N a_{in} a_{im} \exp\left(-\sum_{j=1}^M a_{ij} \mu_j\right) \approx -\mathcal{N}_0 \sum_{i=1}^N a_{im}^2 \exp\left(-\sum_{j=1}^M a_{ij} \mu_j\right) = \partial_m^2 1.$$

Wir können so ebenfalls die für das verbesserte Newton-Verfahren benötigte zweite Differential analog mit

$$\partial_k \partial_n \partial_m 1 = \mathcal{N}_0 \sum_{i=1}^N a_{ik} a_{in} a_{im} \exp\left(-\sum_{j=1}^M a_{ij} \mu_j\right) \approx \mathcal{N}_0 \sum_{i=1}^N a_{im}^3 \exp\left(-\sum_{j=1}^M a_{ij} \mu_j\right) = \partial_m^3 1$$

vereinfacht ausrechnen. Wie bei der in Gleichung (3.1) verwendeten voxelbasierten Schreibweise, dem Lambert-Beer'schen Gesetz $\mathcal{N}_i = \mathcal{N}_0 \exp(-a_{ij} \mu_j^*) = \mathcal{N}_0 \exp(-p_i)$ und einem Relaxationsparameter $0 < \omega \leq 1$ erhalten wir damit einen auf dem Quasi-Newton-Verfahren basierenden ML-Rekonstruktions-Algorithmus

$$(\boldsymbol{\mu}_{n+1})_j = (\boldsymbol{\mu}_n)_j + \omega \cdot \frac{\sum_{i=1}^N a_{im} \left(\mathcal{N}_0 \exp\left(-\sum_{k=1}^M a_{ik}(\boldsymbol{\mu}_n)_k\right) - \exp(-p_i) \right)}{\mathcal{N}_0 \sum_{i=1}^N a_{im}^2 \exp\left(-\sum_{k=1}^M a_{ik}(\boldsymbol{\mu}_n)_k\right)}, \quad (3.9)$$

der mit dem zusätzlichen Term

$$\begin{aligned} (\partial_m^3 1) \frac{(\partial_m 1)^2}{(\partial_m^2 1)^3} &= \quad (3.10) \\ \sum_{i=1}^N a_{im}^3 \exp\left(-\sum_{j=1}^M a_{ij} \mu_j\right) &\frac{\left(\sum_{i=1}^N a_{im} \left(\mathcal{N}_0 \exp\left(-\sum_{j=1}^M a_{ij}(\boldsymbol{\mu}_n)_j\right) - \exp(-p_i) \right)^2 \right)}{\mathcal{N}_0^2 \left(\sum_{i=1}^N a_{im}^2 \exp\left(-\sum_{j=1}^M a_{ij}(\boldsymbol{\mu}_n)_j\right) \right)^3} \end{aligned}$$

für $m = 1, \dots, M$ auf das Verfahren (3.8) erweitert wird.

Wie bei der ART ist es bei dieser Methode ebenfalls möglich, die Dimension und Reihenfolge der Subsysteme zu variieren und damit die Konvergenzordnung bedingt zu verändern. Zusammen mit einem Transitschema wurden diese geordneten Subsystem-Strategien (OS-Strategien) am Fall der MEM-Verfahren im Artikel von Kim et al. [KPTF12] diskutiert.

Bemerkung Dieses Verfahren wird unter anderem in die Rekonstruktionsalgorithmik für eine C-Bogen-CT, welche wir in Kapitel 4 kennenlernen werden, integriert und in Frysch et al. [FPB⁺14] als dritter Unterpunkt publiziert. Einige Ergebnisse, wie zum Beispiel die in Abbildung 4.3, werden wir im Kapitel 4 illustrieren. \square

Bei dem Problem (3.4) optimieren wir auf Grundlage der statistischen Auswertung gemessener Photonen. Ein zu kleines Subsystem-Niveau ist dabei gleichbedeutend mit einer kleineren Menge an Messungen, sodass überlagerndes Rauschen bei jeder Subiteration mit in die Rekonstruktion verstärkt einfließen würde. Insbesondere für kleinere Dimensionen würde die Umsetzung einer geordneten Subsystem Strategie einen starken Stabilitätsverlust mit sich führen, da weniger Messwerte für den statistischen Ansatz für einen Aktualisierungsschritt zur Verfügung stehen.

Vergleichen wir unter diesem Aspekt die auf Newton-basierende Rekonstruktionstechnik mit dem, in der Literatur bezeichneten, multiplikativen ML-Verfahren (MEM-Verfahren in Anlehnung an das multiplikative EMCT-Verfahren (3.1))

$$(\boldsymbol{\mu}_{n+1})_j = (\boldsymbol{\mu}_n)_j \cdot \frac{\sum_{i=1}^N a_{ij} \exp(-\sum_{k=1}^M a_{ik} (\boldsymbol{\mu}_n)_k)}{\sum_{i=1}^N a_{ij} \exp(-p_i)}, \quad (3.11)$$

so wurde bereits von Lange und Fessler in [LF95] festgestellt, dass die Methode (3.11) numerisch instabil ist. Beispielsweise stellt der Wert $\boldsymbol{\mu}_0 = \mathbf{0}$ einen stabilen Fixpunkt dar, der nicht zur Initialisierung genutzt werden sollte.

Eine solche Limitierung gibt es bei dem Verfahren (3.9) im Allgemeinen nicht und wir werden in Kapitel 4 mit beispielsweise Abbildung 4.3 zeigen, dass eine höhere Stabilität und damit auch eine Konvergenzordnung erreicht werden kann.

Bemerkung Betrachten wir das gedämpfte Newton-Verfahren, wobei wir $f(\mu^*) = 0$ und $f'(\mu) \neq 0$ auf dem Intervall $[\mu_0, \mu^*]$ voraussetzen, mit dem Zeitschritt $\mu_n := \mu(n\omega)$

$$\frac{\mu((n+1)\omega) - \mu(n\omega)}{\omega} = -\frac{f(n\omega)}{f'(n\omega)},$$

dann gelangen wir beim Grenzübergang $\omega \rightarrow 0$ von der eigentlichen Fixpunktiteration zu der Newton'schen Differentialgleichung

$$\frac{d\mu}{dt} = -\frac{f(\mu)}{f'(\mu)}, \quad (3.12)$$

die beispielsweise im Artikel von Smale [Sma76] diskutiert wird.

Das zugehörige Anfangswertproblem mit $\mu(0) = \mu_0$ hat die Lösung

$$f(\mu(t)) = f(\mu_0) \exp(-t), \quad (3.13)$$

sodass die Lösungstrajektorie asymptotisch stabil gegen den Fixpunkt von f konvergiert, wenn die Gleichung (3.12) für alle $t \in [\mu_0, \mu^*]$ stetig integrierbar ist.

Setzen wir die Integrierbarkeit voraus, so können wir das Newton-Verfahren als Regularisierungs-Methode interpretieren. \square

Regularisierung mit der Huber-Funktion

Es ist zwar im Allgemeinen bekannt, dass eine statistische Rekonstruktion ein wesentlich akkurateres CT-Bild liefert als die gefilterte Rückprojektion, beziehungsweise sein 3D Pendant, die FDK. Insbesondere wird das deutlich bei Rekonstruktionen mit geringer Photonenanzahl. Dennoch sind die Anwendungen weniger verbreitet als die analytischen Verfahren,

da die Rechenzeiten trotz erhöhter Konvergenz noch zu hoch sind.

Im Buch von Buzug [Buz08] wird gezeigt, dass die Linearisierung der Kostenfunktion aus Gleichung (3.4) zur statistischen Formulierung der ART führt. Nach Gleichung (2.60) bestehen die Koeffizienten der Konditionsmatrix \mathbf{C} aus Gewichten bezüglich der zu erwartenden Photonen. Die ART stellt hier einen Kompromiss aus Rechengeschwindigkeit und einer akkuraten CT-Rekonstruktion dar. Wir wollen daher nun Strategien zur Regularisierung der ART untersuchen und diskutieren.

Eine typische Art, das inverse Problem einer CT-Rekonstruktion zu regularisieren, ist das Hinzufügen eines Bestrafungspotentials V mit der Gewichtung $\beta > 0$ zum Ausgleichsproblem (2.10)

$$\frac{1}{2} \|\mathbf{A}\boldsymbol{\mu} - \mathbf{p}\|_2^2 + \beta V(\boldsymbol{\mu}) \rightarrow \min, \quad (3.14)$$

wobei V eine Abbildung $V : \mathbb{R}^M \rightarrow \mathbb{R}_{\geq 0}$ darstellt.

Das in der Mathematik wohl bekannteste Potential $V(\boldsymbol{\mu}) := \|\boldsymbol{\mu}\|_2^2$ formuliert die Problemstellung (3.14) zur Tikhonov-Phillips-Regularisierung, welche in den Büchern von Rieder [Rie13] oder Natter und Wübbeling [NW01] analysiert wird.

Die Huber-Funktion (engl. eigentlich *Huber loss function*), welche im Werk von Huber [Hub81] vorgestellt wird, ist eine interessante Variante.

Sie vergleicht, wie es bei der Minimierung mit totaler Variation (TV-Minimierung) mit der Funktion $V(\boldsymbol{\mu}) := \sum_{j=1}^M \sum_{k \in \mathcal{N}_j} |\mu_j - \mu_k|$ gemacht wird, den j -ten Voxel mit den benachbarten Voxeln⁷ $\{\mu_k\}_{k \in \mathcal{N}_j}$. Abweichungen von den Nachbarn zum j -ten Voxel werden dann durch die Addition von V proportional zur Summe der Differenzen bestraft.

Die Huber-Funktion können wir mit einer analytischen Ersatzfunktion und dem Parameter $\gamma > 0$

$$V(\boldsymbol{\mu}) := \gamma \sum_{j=1}^M \sum_{k \in \mathcal{N}_j} \ln(\cosh(\frac{1}{\gamma}(\mu_j - \mu_k))) \quad (3.15)$$

realisieren, was uns analog zur Maximum-Likelihood-Methode zu einem nicht-linearen Rekonstruktionsproblem führt.

Unterteilen wir die zugehörige Normalengleichung wie beim Kaczmarz-Verfahren in P Subsysteme, so erhalten wir mit $i = 1, \dots, N$ und $i_n = (i \bmod P) + 1$ die Funktion

$$\Phi_{i_n}(\boldsymbol{\mu}) := -\mathbf{A}_{i_n}^T (\mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu} - \mathbf{p}_{i_n}) + \nabla V(\boldsymbol{\mu}).$$

Wir verwenden hier wieder einen mit $0 < \omega < 2$ relaxierten Kaczmarz-(Gauss)-Newton-Schritt, um dieses Optimierungsproblem zu iterieren, wobei $\boldsymbol{\eta}_n$ aus der Gleichung

$$\begin{aligned} \boldsymbol{\mu}_{n+1} &= \boldsymbol{\mu}_n + \omega \boldsymbol{\eta}_n, \\ \Phi_{i_n}(\boldsymbol{\mu}_n) &= -\mathbf{D}(\Phi_{i_n}(\boldsymbol{\mu}_n)) \boldsymbol{\eta}_n \end{aligned}$$

berechnet wird.

Bemerkung Wir gehen in diesem Abschnitt davon aus, dass jedes Subsystem unterbestimmt ist und kein Rangdefizit besitzt. Das heißt, dass jeder Röntgenstrahl unter einem festen Winkel jeweils eine disjunkte Menge an Voxeln abbildet.

Setzen wir weiter $V \equiv 0$ dann erhalten wir für den Kaczmarz-Newton-Schritt mit $-\mathbf{D}(\Phi_{i_n}) = \mathbf{A}_{i_n}^T \mathbf{A}_{i_n}$ ein Subsystem

$$\mathbf{A}_{i_n}^T (\mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\eta}_{i_n} - \Phi_{i_n}) := \mathbf{A}_{i_n}^T \boldsymbol{\nu} - \mathbf{b}_{i_n} \quad (3.16)$$

⁷Die Menge \mathcal{N}_j beinhaltet die Indices der Voxel, die sich in der Nachbarschaft des Voxels μ_j befinden.

und das zugehörige Ausgleichsproblem

$$\|\mathbf{A}_{i_n}^T \boldsymbol{\nu} - \mathbf{b}_{i_n}\|_2^2 \rightarrow \min.$$

Dann ist die Lösung minimaler Norm mit

$$\boldsymbol{\nu} = (\mathbf{A}_{i_n}^T)^+ \mathbf{b}_{i_n} = (\mathbf{A}_{i_n} \mathbf{A}_{i_n}^T)^{-1} \mathbf{A}_{i_n} \mathbf{b}_{i_n}$$

gegeben und wir erhalten die Gleichung

$$\mathbf{A}_{i_n}^T \boldsymbol{\mu} = (\mathbf{A}_{i_n} \mathbf{A}_{i_n}^T)^{-1} \mathbf{A}_{i_n} \mathbf{A}_{i_n}^T \Phi_{i_n} = \Phi_{i_n}.$$

Damit erhalten wir aus Gleichung (3.16)

$$\Phi_{i_n}^* = (\mathbf{A}_{i_n}^T)^+ \boldsymbol{\eta}_{i_n} = \mathbf{A}_{i_n}^- \boldsymbol{\eta}_{i_n} = \mathbf{A}_{i_n}^T (\mathbf{A}_{i_n} \mathbf{A}_{i_n}^T)^{-1} \boldsymbol{\eta}_{i_n}$$

einen Kaczmarz-Schritt.

Wir wollen daher für die quadratische Form resultierend aus Gleichung (3.14) mit dem größten Eigenwert von $\mathbf{A}_{i_n} \mathbf{A}_{i_n}^T$ mit

$$\mathbf{A}_{i_n} \mathbf{A}_{i_n}^T \leq \|\mathbf{A}_{i_n} \mathbf{A}_{i_n}^T\|_2 \cdot \mathbf{I} = \sigma_{i_n}^2 \mathbf{I} \quad (3.17)$$

abschätzen. Bezüglich der Gleichung (3.16) haben wir eine Variante des Landweber-Kaczmarz-Verfahrens hergeleitet, welche in Bannasch et al. [BFWR14] präsentiert wurde. \square

Die Hesse-Matrix des Bestrafungspotentials $\nabla^2 V(\boldsymbol{\mu})$ approximieren wir mit der Diagonalmatrix

$$\begin{aligned} \text{diag}(\nabla^2 V) &= \{\partial_j^2 V\}_{j=1, \dots, M} \\ &= \left\{ \partial_j \sum_{k \in \mathcal{N}_j} \tanh\left(\frac{\mu_j - \mu_k}{\gamma}\right) \right\}_{j=1, \dots, M} = \frac{1}{\gamma} \left\{ \sum_{k \in \mathcal{N}_j} \frac{1}{\cosh^2\left(\frac{\mu_j - \mu_k}{\gamma}\right)} \right\}_{j=1, \dots, M} \end{aligned}$$

und bekommen eine Approximation der Funktionalmatrix

$$-\mathbf{D}(\Phi_{i_n}(\boldsymbol{\mu})) = \mathbf{A}_{i_n} \mathbf{A}_{i_n}^T + \beta \nabla^2 V(\boldsymbol{\mu}) \approx \sigma_{i_n}^2 \mathbf{I} + \beta \text{diag}(\nabla^2 V),$$

die sich technisch unkompliziert invertieren lässt.

Bemerkung Für den betragsgrößten Eigenwert $\lambda_i := \sigma_i^2$ der quadratischen Form $\mathbf{A}_{i_n} \mathbf{A}_{i_n}^T$ verwenden wir die Potenz-Methode (engl. *power method*), die wir im Buch von Bronstein et al. [BSM08] finden. Sie wird auch von-Mises-Iteration genannt.

Wir geben für diese Methode einen normierten Startvektor $\mathbf{v}_0 \in \mathbb{R}^M$ vor und berechnen den größten Eigenvektor $\mathbf{v}^* \in \mathbb{R}^M$ von $\mathbf{A}_i^T \mathbf{A}_i$ mit der Iterationsvorschrift

$$\begin{aligned} \tilde{\mathbf{v}}_i^{m+1} &= \mathbf{A}_i^T \mathbf{A}_i \mathbf{v}_i^m, \\ \mathbf{v}_i^{m+1} &= \frac{\tilde{\mathbf{v}}_i^{m+1}}{\|\tilde{\mathbf{v}}_i^{m+1}\|_2}. \end{aligned} \quad (3.18)$$

Der gesuchte Eigenwert der quadratischen Form $\mathbf{A}_i^T \mathbf{A}_i$ und damit auch der von $\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T$ lässt sich durch den Rayleigh-Quotienten

$$\lim_{m \rightarrow \infty} \frac{\langle \mathbf{A}_i^T \mathbf{A}_i \mathbf{v}_i^m, \mathbf{v}_i^m \rangle}{\langle \mathbf{v}_i^m, \mathbf{v}_i^m \rangle} = \lim_{m \rightarrow \infty} \langle \mathbf{A}_i \mathbf{v}_i^m, \mathbf{A}_i \mathbf{v}_i^m \rangle = \|\mathbf{A}_i \mathbf{v}_i^*\|_2^2 = \|\lambda_i \mathbf{v}_i^*\|_2^2 = |\lambda_i|$$

Technische Parameter	Werte
Winkel-Inkrement	$6,0^\circ$
Winkelbereich pro Rotation	180°
Anzahl der Detektorpixel	736
Anzahl der Projektionen	30
Volumenauflösung (SL-Phantom)	520×520
Bildgebung	Parallelstrahlen-CT

Tabelle 3.2.: Technische Parameter für den Akquisition-Modus I

approximieren.

Diese Strategie kann ohne weiteres mit dem Rückgriff auf die Vor- beziehungsweise Rückprojektions-Operatoren für die CT-Forschung umgesetzt werden und konvergiert aufgrund der Symmetrie der quadratischen Form mit der quadratischen Ordnung. \square

In einer voxelbasierten Formulierung folgt mit einem dynamischen Relaxationsparameter

$$(\tilde{\omega}_{i_n})_j := \frac{\omega}{\sigma_{i_n}^2 + \beta (\nabla^2 V(\boldsymbol{\mu}_n))_j} \quad (3.19)$$

die Iterationsvorschrift

$$(\boldsymbol{\mu}_{n+1})_j = (\boldsymbol{\mu}_n)_j - (\tilde{\omega}_{i_n})_j \left(\left(-\mathbf{A}_{i_n}^T (\mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_n - \mathbf{p}_{i_n}) \right)_j + \beta (\nabla V(\boldsymbol{\mu}_n))_j \right) \quad (3.20)$$

für $j = 1, \dots, M$, die in Bannasch et al. [BFB⁺15] publiziert wurde.

Numerische Resultate

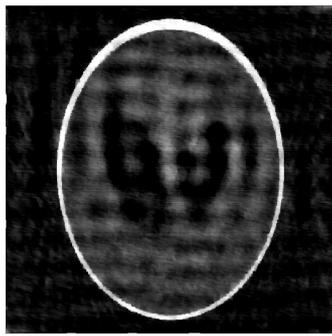
Dieses Konzept zur Integration der Huber-Funktion evaluieren wir mit numerischen Experimenten.

Wir simulieren mit dem Shepp-Logan-Phantom in einer (520×520) -Auflösung und einer Systemmatrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{22.080 \times 270.400}$ eine CT-Bildgebung. Demnach haben wir ein unterbestimmtes CT-System mit 736 Extinktionen pro Projektion. Hierbei wurde während einer 180° -Akquisition das Shepp-Logan-Phantom aus 30 Blickwinkeln äquidistant vorwärts-projiziert, siehe Tabelle 3.2.

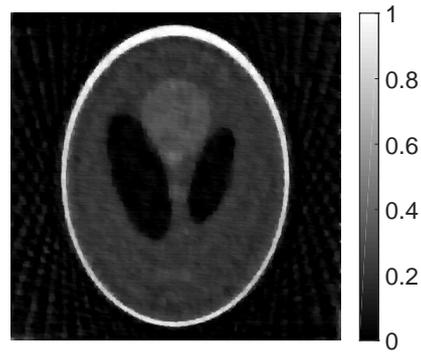
Für die Simulation von Rauschen addieren wir auf die Projektionen $\mathbf{p} \in \mathbb{R}^{22.080}$ einen Vektor $\mathbf{p}_\epsilon \in \mathbb{R}^{22.080}$, wobei jede Komponente von \mathbf{p}_ϵ einem gleich verteilten Zufallswert mit $0 \leq (\mathbf{p}_\epsilon)_j \leq \frac{1}{10} \|\mathbf{p}\|_\infty$ entspricht.

In Anlehnung an eine TV-Minimierung setzen wir heuristisch die freien Parameter $\beta = 1$ und $\gamma = 0,005$ fest. Wir verwenden für die Inkrementierung des Weiteren die Projektionen, die unter einem bestimmten Blickwinkel akquiriert wurden.

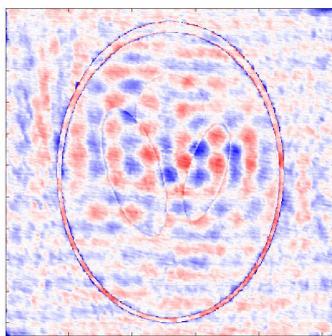
Bemerkung Falls nicht explizit anders definiert, setzen wir im Folgenden permanent den Begriff einer Projektion mit der Menge der Extinktionen eines Blickwinkels gleich. Der Blickwinkel α bezieht sich dabei unabhängig von der Geometrie auf die Orientierung des zentralen Strahls. Wir betrachten demnach die Perspektive vom Patienten zum Detektor und das Niveau eines Subsystems bestehend aus einer Projektion ist jetzt gleichbedeutend mit der Anzahl der Detektorpixel. Das OS-Level wäre hierbei 1. \square



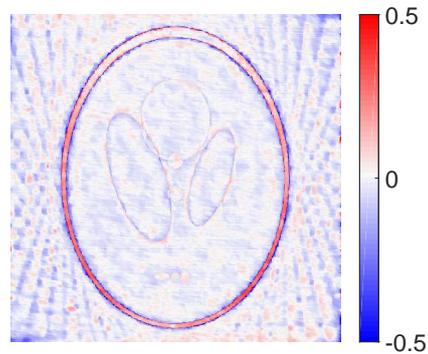
(a) Rekonstruktion mit einem festem Relaxationsparameter $(\tilde{\omega}_{i_n})_j \equiv \omega = 0,0037$.



(b) Rekonstruktion mit dem dynamischen Relaxationsparameter $(\tilde{\omega}_{i_n})_j$ und $\omega = 1,0$.



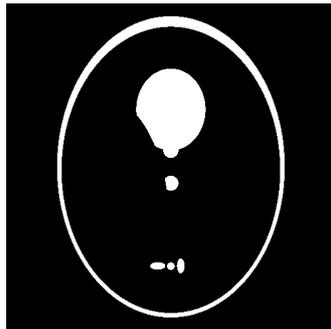
(c) Wir sehen hier das Differenzbild $\mu_{\text{Rek}} - \mu_{\text{SL}}$ zwischen der Rekonstruktion mit konstanter Relaxation und Original.



(d) Wir sehen hier das Differenzbild $\mu_{\text{Rek}} - \mu_{\text{SL}}$ zwischen der Rekonstruktion mit dynamischer Relaxation und Original.

Abbildung 3.3.: Newton-Kaczmarz-Schritt (Bilder stammen aus Bannasch et al. [BFB⁺15]):

Die illustrierten 2D CT-Bilder zeigen, dass verschiedene Relaxations-Strategien auch mit der Integration einer Regularisierung, wie die mit einer Huber-Funktion, verschiedene Resultate bewirkt. Für die hier zu sehenden Rekonstruktionen wurden die Subsysteme gleich einer Projektion aus einem Blickwinkel gesetzt und nach 1000 Iterationen abgebrochen. Des Weiteren wurden die Untersysteme klassisch in chronologischer Reihenfolge innerhalb einer Iterationsschleife subiteriert.



(a) Originales Shepp-Logan-Phantom.

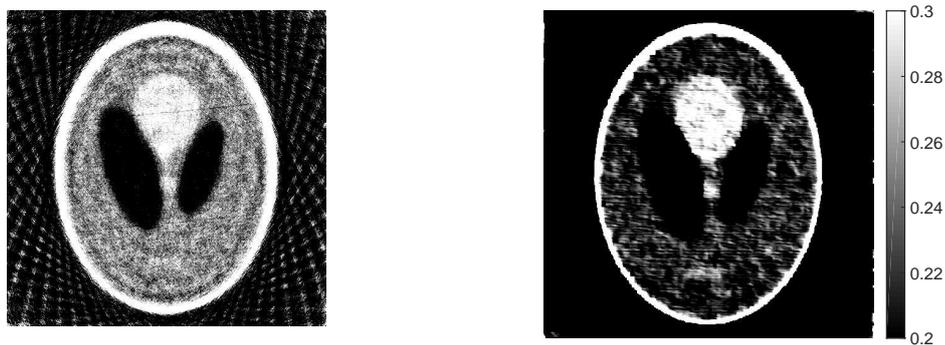
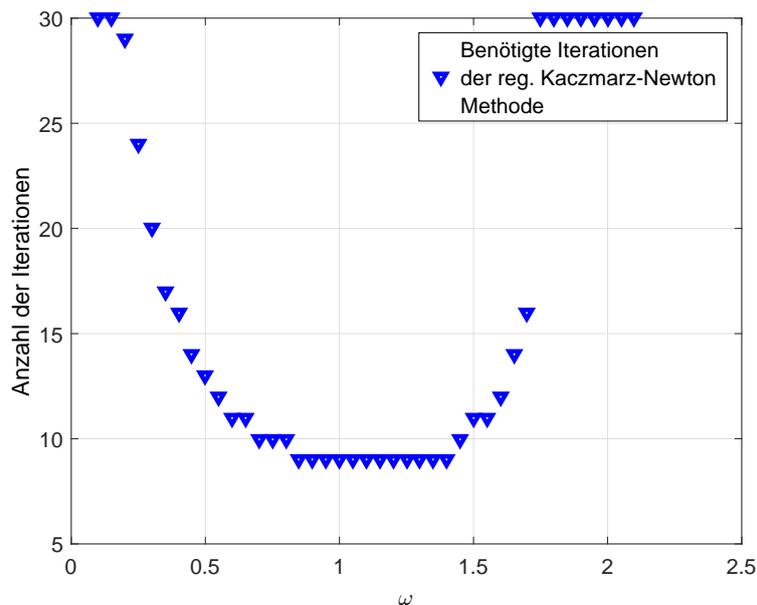
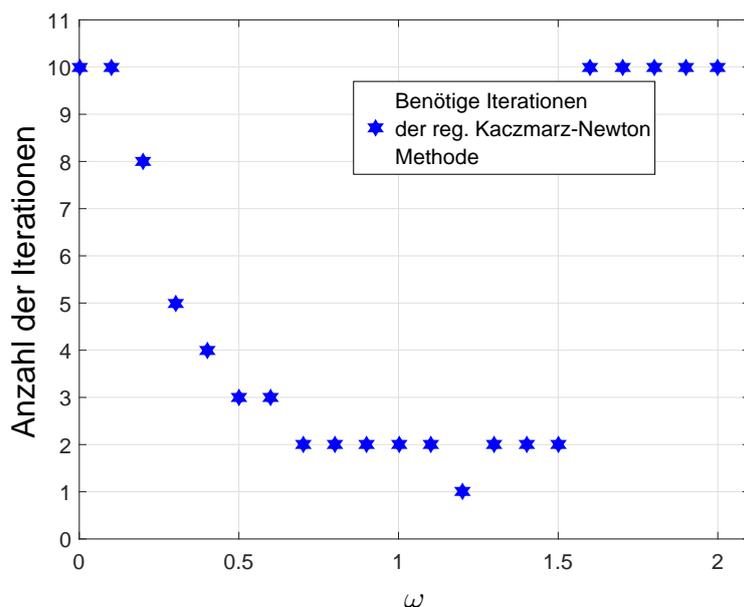
(b) Rekonstruktion mit einem festem Relaxationsparameter und ohne Regularisierung $(\tilde{\omega}_{i_n})_j \equiv \omega = 0,0037$.(c) Rekonstruktion mit dem dynamischen Relaxationsparameter $(\tilde{\omega}_{i_n})_j$ und $\omega = 1,0$.

Abbildung 3.4.: Newton-Kaczmarz-Schritt:

Die Fensterung von 0,2 bis 0,3 wurde so gewählt, dass der qualitative Unterschied insbesondere bei den weichen Kontrasten hervorgehoben wird. Der Versuchsaufbau ist der Gleiche wie bei der Abbildung 3.3.



(a) 2D CT mit Parallelstrahlengometrie



(b) 3D CBCT mit Kegelstrahlengometrie

 Abbildung 3.5.: Dynamischer Relaxationsparameter für 3D (Bilder entstammen dem Artikel von Bannasch et al. [BFB⁺15]):

Wir vergleichen hier die Anzahl an Iterationen, die die Methode benötigt, um einen vorgegebenen Rekonstruktionsfehler zu unterschreiten. Die Grenze für einen Abbruch geben wir mit den relativen Fehlern pro Voxel $\frac{\|\mu_{\text{Rek}} - \mu_{\text{SL}}\|_2}{M} := 0,25$ vor. Eine weitere Unterbrechung der Methode tritt ebenfalls ein, wenn mehr als 30 Iterationen berechnet wurden. Ein analoges Ergebnis erhalten wir für eine 3D Simulation. Hierzu rekonstruieren wir ein 64^3 -diskretisiertes Shepp-Logan-Phantom, welches aus 133 Blickwinkeln mit Kegelstrahlengometrie auf einen (480×616) -Dimensionalen Detektor projiziert wurde, siehe Tabelle 3.3. Bei einer gleichen Fehlergrenze wie beim CT brechen wir die Rekonstruktion ab und wenn mehr als 10 Iterationen berechnet wurden.

Technische Parameter	Werte
Winkel-Inkrement	$\sim 1,5^\circ$
Winkelbereich pro Rotation	200°
Quelle-zu-Detektor-Distanz	1200mm
Quelle-zu-Isocenter-Distanz	750mm
Detektorpixelgröße	$(0,616 \times 0,616)\text{mm}^2$
Anzahl der Detektorpixel	616×480
Anzahl der Projektionen	133
Volumenauflösung (SL-Phantom)	$64 \times 64 \times 64$
Volumengröße	$\sim (71,2 \times 71,2 \times 71,2)\text{mm}^3$
Bildgebung	Fächerstrahlen-CT

Tabelle 3.3.: Technische Parameter für den Akquisition-Modus II

Diskussion

Wir stellen qualitativ anhand Abbildung 3.3 und 3.4 fest, dass es doch einen Unterschied macht, ob wir die Huber-Funktion in der algorithmischen Herleitung mit berücksichtigen oder nicht. Der konstant gesetzte Relaxationsparameter wurde durch $(\tilde{\omega}_{i_n})_j \equiv \frac{\omega}{\max(\{\sigma^2\}_{j=1,\dots,P})}$ festgesetzt.

Bemerkung Die Normierung eines OS-Kaczmarz-Verfahrens durch den Eigenwert der quadratischen Form erwies sich in Folge der Erkenntnisse aus Studien von Bannasch et al. [BFWR14] und Bannasch et al. [BFB⁺15] als probates Mittel, die ART ohne Regularisierung im Konvergenzverhalten zu kontrollieren. So wurde in einer noch nicht publizierten Demonstrationssoftware *CT-Matrix* von Frysch et al., die vom Lehrstuhl Medizinische Telematik und Medizintechnik an der Otto-von-Guericke Universität in der Lehre eingesetzt wird, die ART mit den Eigenwerten kalibriert. Hierzu wurde die bereits erwähnte Potenz-Methode in das Framework integriert, sodass für jedes Subsystem der zugehörige größte Eigenwert approximiert werden kann. Das ermöglicht das Konvergenzverhalten ohne weitere Voreinstellung (in Abhängigkeit von beispielsweise Bildgröße, Anzahl an Projektionen etc.) von gedämpft mit $\omega < 1$ bis hin zu oszillatorisch vor der Rekonstruktion festzulegen. Der Fall $\omega = 1$ wird dann als Optimum festgelegt, was sich jedoch nur dann behauptet, wenn ein konsistenter Simulationsaufbau vorgegeben wird. \square

Während der dynamische Parameter unter diesen anspruchsvollen Voraussetzungen noch ein adäquates CT-Bild rekonstruiert, bei dem die Strukturen des Shepp-Logan-Phantoms noch erkennbar sind, ist die Rekonstruktion mit dem statischen Parameter bis auf die Knochenstruktur kaum noch zu erkennen.

Der Einfluss des Relaxationsparameters bei der 3D CBCT-Simulation ist, wie in Abbildung 3.5 beschrieben, im Wesentlichen äquivalent zu der 2D CT-Rekonstruktion mit Parallelstrahlengometrie.

Die Huber-Regularisierung wie auch die TV-Minimierung schützen mit einer geeigneten Relaxation die Konvergenz des Verfahrens. Sie eignet sich, wie wir in Abbildung 3.3 sehen, für Rekonstruktionen von glatten Flächen und harten Kanten. Denn das Bestrafungspotenzial V bewirkt je nach Parameterwahl, dass hochfrequente Anteile während der Rekonstruktion unterdrückt und die Niederfrequenten verstärkt werden. So wird Rauschen im CT-Bild verringert und ermöglicht akkurate Rekonstruktionen trotz starker Unterabtastung.

Die Gefahr bei dieser Regularisierungsstrategie besteht darin, dass die Anteile für den Weichgewebekontast ebenfalls niederfrequent sind. Die Resultate mit dem Shepp-Logan-Phantom müssen wir daher mit Vorsicht genießen. Das Phantom ist nämlich aus verschied-

den großen Ellipsen zusammengesetzt, die wiederum einzeln einen individuellen Grauwert besitzen. Das Schichtbild besteht also aus glatten Ebenen mit scharfen Kanten an den Übergängen.

Solche Strukturen werden von einer TV-Minimierung begünstigt regularisiert, treten in der Realität jedoch nicht auf. Eine ungünstige Parameterwahl oder falsche Relaxation könnte daher das CT-Bild *überregularisieren*, sodass die Rekonstruktion für eine potenzielle medizinische Diagnostik unbrauchbar wird.

Eine medizinisch und mathematisch fundierte Wahl kann aber einen stabilen Algorithmus konstruieren, der bereits mit einer reduzierten Anzahl an Projektionen zuverlässige CT-Bilder erzeugen kann.

Das ist der Grund, warum die analytische Huber-Ersatzfunktion im Artikel von Frysch et al. [FPB⁺14] mit

$$l = - \sum_{i=1}^N \left(\exp\left(- \sum_{j=1}^M a_{ij} \mu_j\right) + \exp(-p_i) \sum_{j=1}^M a_{ij} \mu_j \right) - V(\boldsymbol{\mu})$$

und der vorgestellten Strategie integriert wurde.

Regularisierung mit Zeitfluss-Verfahren

In den letzten zwei Abschnitten haben wir zwei Methoden aufgeführt, iterative Verfahren durch die Newton'sche Differentialgleichung zu regularisieren. Hierzu floss implizit ein, dass das Lösen dieser Differentialgleichung mit dem (expliziten) Euler-Verfahren das Newton-Verfahren ergibt.

Wir verwenden nun die Numerik gewöhnlicher Differentialgleichungen, um stabile Algorithmen für die algebraische Rekonstruktion herzuleiten. Dieser Ansatz zur Regularisierung führt zu den diskreten Zeitfluss-Verfahren.

Dazu definieren wir zunächst die affine Funktion

$$\chi(\boldsymbol{\mu}) := -\mathbf{A}^T \mathbf{A} \boldsymbol{\mu} + \mathbf{A}^T \mathbf{p}$$

und müssen damit eine Nullstelle $\boldsymbol{\mu}^* \in \mathbb{R}^M$ mit $\chi(\boldsymbol{\mu}^*) = \mathbf{0}$ finden. Diese können wir auch als stationären Punkt einer gewöhnlichen Differentialgleichung interpretieren und definieren die Funktion $\chi(\boldsymbol{\mu}(t))$ als rechte Seite einer solchen.

Definition 3.2.1: Das Zeitfluss-Problem

Es sei die Menge $\Omega \subseteq \mathbb{R}^N \times \mathbb{R}_{\geq 0}$ und die stetige Abbildung $\chi : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^N$ mit $\chi(\boldsymbol{\mu}) = -\mathbf{A}^T \mathbf{A} \boldsymbol{\mu} + \mathbf{A}^T \mathbf{p}$ gegeben. Dann ist das lineare und autonome Zeitfluss-Problem (ZFP) durch das Anfangswertproblem

$$\begin{aligned} \dot{\boldsymbol{\mu}}(t) &= -\mathbf{A}^T \mathbf{A} \boldsymbol{\mu}(t) + \mathbf{A}^T \mathbf{p}, & (\text{ZFP}) \\ \boldsymbol{\mu}(0) &= \boldsymbol{\mu}_0. \end{aligned}$$

definiert.

Die Notation $\dot{\boldsymbol{\mu}} := \frac{d\boldsymbol{\mu}}{dt}$ bezeichne dabei die Zeitableitung der Systemvariablen beziehungsweise Voxel. Weiter ist die Differentialgleichung des ZFPs auch als Showalter-Methode bekannt, welche schon zur Regularisierung nicht-linearer Probleme im Artikel von Hochdruck et al. [HHO09] verwendet wurde.

Nehmen wir an, dass der Rang der Matrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{N \times M}$ mit $\text{Rang}(\mathbf{A}) = M$ im Fall $N \geq M$ kein Rangdefizit besitzt. Damit hat die lineare Differentialgleichung erster Ordnung mit Anfangswert $\boldsymbol{\mu}_0$ höchstens einen stationären Punkt $\boldsymbol{\mu}^*$.

Auch gibt es eine eindeutige Lösung mit der Exponentialmatrix des ZFPs

$$\boldsymbol{\mu}(t) = \exp(-\mathbf{A}^T \mathbf{A} t) \boldsymbol{\mu}_0 + \mathbf{A}^+ \mathbf{p}.$$

Wir sehen zudem, da $\mathbf{A}^T \mathbf{A}$ positiv definit ist, dass $\boldsymbol{\mu}(t)$ für $t \rightarrow \infty$ gegen die Lösung des linearen Ausgleichsproblems Gleichung (2.10) konvergiert und mit der Wahl $\boldsymbol{\mu}_0 = \mathbf{0}$ die Lösung des ZFPs $\boldsymbol{\mu} \equiv \mathbf{A}^+ \mathbf{p}$ direkt der Lösung minimaler Norm entspricht. Sie ist insbesondere asymptotisch stabil.

Bei einem konsistenten System mit $N < M$ und ohne Rangdefizit finden wir entsprechend die Lösung

$$\boldsymbol{\mu}(t) = \exp(-\mathbf{A}^T \mathbf{A} t) \boldsymbol{\mu}_0 + \mathbf{A}^- \mathbf{p},$$

mit dem stabilen Fixpunkt $\boldsymbol{\mu}^* = \mathbf{A}^- \mathbf{p}$.

Betrachten wir ein allgemeines System, so können wir daher einen im Sinne von Lyapunov zumindest stabil stationären Punkt $\boldsymbol{\mu}^* = \mathbf{A}^\dagger \mathbf{p}$ erwarten. Wir erreichen die Lösung minimaler Norm und können diese, sprich das CT-Bild, als stationären Punkt eines Systems gewöhnlicher Differentialgleichungen interpretieren. Die Idee ist daher, die Klasse der Runge-Kutta-Verfahren zu nutzen, um stabile iterative Verfahren herzuleiten.

Details zur Theorie gewöhnlicher Differentialgleichungen finden wir im Buch von Wirsching [Wir06].

Beispiel Verwenden wir das (explizite) Euler-Verfahren, dann erhalten wir das Landweber-Verfahren

$$\boldsymbol{\mu}_{n+1} = \boldsymbol{\mu}_n + \omega \mathbf{A}^T (\mathbf{A} \boldsymbol{\mu}_n - \mathbf{p}).$$

Das implizite Euler-Verfahren

$$(\mathbf{I} - \omega \mathbf{A}^T \mathbf{A}) \boldsymbol{\mu}_{n+1} = \boldsymbol{\mu}_n - \omega \mathbf{A}^T \mathbf{p}$$

ergibt eine Umsetzung der Regularisierung aus Gleichung (3.14) und ist bekannt als das Tikhonov-Phillips-Verfahren. \square

Im Gegensatz zu der Untersuchung allgemeiner impliziter Runge-Kutta-Verfahren im Artikel von Rieder [Rie05] oder dem von Böckmann und Pornsawad [BP08] betrachten wir, bis auf ein Anwendungsbeispiel, die Unterklasse der expliziten Verfahren.

Die Klasse der Runge-Kutta-Kaczmarz-Zeitschrittverfahren

Wir wählen nun den Ansatz, das Zeitfluss-Problem aus Gleichung (ZFP) numerisch mit der Klasse der Runge-Kutta-Verfahren zu lösen und damit stabile iterative Verfahren zu erhalten.

Bemerkung Eine kurze Einführung zur Klasse der Runge-Kutta-Verfahren wird im Anhang A.3 gegeben. \square

Weiter interpretieren wir einen einzelnen Zeitschritt als Kaczmarz-Schritt. So erhalten wir aus dem ZFP (ZFP) ein Kaczmarz-artiges (engl. *Kaczmarz type*) Zeitfluss-Problem, welches durch die Zerlegung des Gleichungssystems in Subsysteme charakterisiert ist.

Definition 3.2.2: Das Kaczmarz-artige Zeitfluss-Problem

Es sei eine Unterteilung wie in Gleichung (2.59) eines CT-Systems $\mathbf{A}\boldsymbol{\mu} = \mathbf{p}$ mit $\mathbf{A}_i : \boldsymbol{\mu} \rightarrow \mathbf{p}_i$ für $i = 1, \dots, P \leq N$ mit $\sum_{i=1}^P N_i = P$ gegeben. Dabei erhalten wir die Matrizen $\mathbf{A}_i \in \mathbb{R}^{N_i \times M}$ sowie die Vektoren $\boldsymbol{\mu} \in \mathbb{R}^M$ und $\mathbf{p}_i \in \mathbb{R}^{N_i}$.

Weiter seien die Mengen $\Omega_i \subseteq \mathbb{R}^{N_i} \times \mathbb{R}_{\geq 0}$ und die affinen Abbildungen $\chi_i : \Omega_i \rightarrow \mathbb{R}^M$ mit $\chi_i(\boldsymbol{\mu}) := -\mathbf{A}_i^T \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu} + \mathbf{A}_i^T \mathbf{p}_i$ gegeben. Dann ist das lineare und autonome Kaczmarz-artige Zeitfluss-Problem (KFP) durch das Anfangswertproblem

$$\begin{aligned} \dot{\boldsymbol{\mu}} &= -\mathbf{A}_i^T \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu} + \mathbf{A}_i^T \mathbf{p}_i, & (\text{KFP}) \\ \boldsymbol{\mu}(0) &:= \boldsymbol{\mu}_{i-1}^* = \mathbf{A}_{i-1}^\dagger \mathbf{p}_{i-1} \end{aligned}$$

für alle $i = 1, \dots, P$ mit der Initialisierung $\boldsymbol{\mu}_0^* := \mathbf{A}_P^\dagger \mathbf{p}_P$ definiert.

Beispiel Es seien die Laufindices, wie bereits für die Kaczmarz-Verfahren verwendet, mit $n \in \mathbb{N}_0$ und $i_n \equiv (n \bmod P) + 1$ gegeben. Dann ergibt sich mit dem impliziten Euler-Verfahren

$$\boldsymbol{\mu}_{n+1} = \boldsymbol{\mu}_n + \mathbf{A}_{i_n}^T (\mathbf{p}_{i_n} - \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_{n+1})$$

Technische Parameter	Werte
Winkel-Inkrement	$\sim 1,5^\circ$
Winkelbereich pro Rotation	200°
Quelle-zu-Detektor-Distanz	1200mm
Quelle-zu-Isocenter-Distanz	750mm
Detektorpixelgröße	0,616mm
Anzahl der Detektorpixel	616
Anzahl der Projektions	133
Volumenauflösung (SL-Phantom)	64×64
Volumengröße	$\sim (71,2 \times 71,2) \text{mm}^2$
Bildgebung	Fächerstrahlen-CT

Tabelle 3.4.: Technische Parameter für den Akquisition-Modus II.1

ein implizites Kaczmarz-Verfahren. Nun machen wir mit der Funktion

$$F(\boldsymbol{\mu}_{n+1}) := \boldsymbol{\mu}_{n+1} - \left(\boldsymbol{\mu}_n + \omega \mathbf{A}_{i_n}^T (\mathbf{p}_{i_n} - \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_{n+1}) \right), \quad (3.21)$$

einen Newton-Schritt, um den $(n+1)$ -ten Zeitschritt zu berechnen. Dazu approximieren wir die Funktionalmatrix über die Diagonale der quadratischen Form

$$\nabla F = \mathbf{I} + \omega \mathbf{A}_{i_n}^T \mathbf{A}_{i_n} \approx \mathbf{I} + \omega \cdot \text{diag}(\mathbf{A}_{i_n}^T \mathbf{A}_{i_n})$$

und erhalten mit dem Index $m \in \mathbb{N}_0$ die Vorschrift

$$\boldsymbol{\mu}_{n+1}^{m+1} = \boldsymbol{\mu}_{n+1}^m - \left(\mathbf{I} + \omega \cdot \text{diag}(\mathbf{A}_{i_n}^T \mathbf{A}_{i_n}) \right)^{-1} \cdot \left(\boldsymbol{\mu}_{n+1}^m - \boldsymbol{\mu}_n^m + \omega \mathbf{A}_{i_n}^T (\mathbf{p}_{i_n} - \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_{n+1}^m) \right).$$

Für alle $n \in \mathbb{N}_0$ resultiert mit der Initialisierung $\boldsymbol{\mu}_{n+1}^0 = \boldsymbol{\mu}_n^0$ für den einen approximierten Newton-Schritt das Verfahren

$$\boldsymbol{\mu}_{n+1} := \boldsymbol{\mu}_{n+1}^1 = \boldsymbol{\mu}_n^0 - \left(\frac{1}{\omega} \cdot \mathbf{I} + \text{diag}(\mathbf{A}_{i_n}^T \mathbf{A}_{i_n}) \right)^{-1} \cdot \left(\mathbf{A}_{i_n}^T (\mathbf{p}_{i_n} - \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_n^0) \right). \quad (3.22)$$

Das Ergebnis ist wiederum ein explizites Kaczmarz-Verfahren laut 2.60. Es hat eine alternative Konditionsmatrix, die ohne eine Berechnung von Eigenwerten auskommt. Quantitativ weist es ein vergleichbares Konvergenzverhalten auf wie das Landweber-Kaczmarz-Verfahren mit der Konditionierung $\mathbf{C}_i = \frac{1}{\sigma_i^2} \mathbf{I}$ über den größten Eigenwert, siehe Abbildung 3.6. Weiter sehen wir, dass das Optimum bezüglich der Relaxation sich insbesondere bei dem Landweber-Kaczmarz-Verfahren verschiebt, beziehungsweise sich nicht bei $\omega = 1$ einstellt. Während wir bei der Demonstrationssoftware *CT-Matrix* [6] noch in der Lage waren eine zuverlässige Einstellung zu implementieren, können wir die maximale Konvergenzordnung der Iteration lediglich mit $0 \leq \omega \leq 1$ einschränken. Grund hierfür ist die Approximationsgüte der Inversen über den größten Eigenwert $(\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T)^{-1} \approx \frac{1}{\sigma_i^2} \mathbf{I}$ bei Fächerstrahlengeometrie. Nehmen wir an, dass in 2D der Abstand zwischen den Parallelstrahlen so ist, dass die Geometriefaktoren im Bereich von 1 bis $\sqrt{2}$ mal der Kantenlänge der Voxel variieren, dann durchleuchten die Strahlen mit der Parallelstrahlengeometrie zumindest unter den Blickwinkeln von 0° , 45° , 90° etc. eine exakt disjunkte Menge an Voxeln. Die Zeilen, die diese Subsysteme bilden, sind zueinander adjungiert. Die quadratische Form bei einer Konditionierung mit $\mathbf{C}_i = (\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T)^\dagger$ ist im Wesentlichen stärker diagonal-dominant als bei einer Fächerstrahlengeometrie. Unter den Blickwinkeln von 0° oder 90° ist der Strahlenweg entlang des Objekts, wie in Abbildung 3.7 gestrichelt skizziert, für jeden Röntgenstrahl gleich lang. Daher entspricht die quadratische Form unter diesen idealen Voraussetzungen

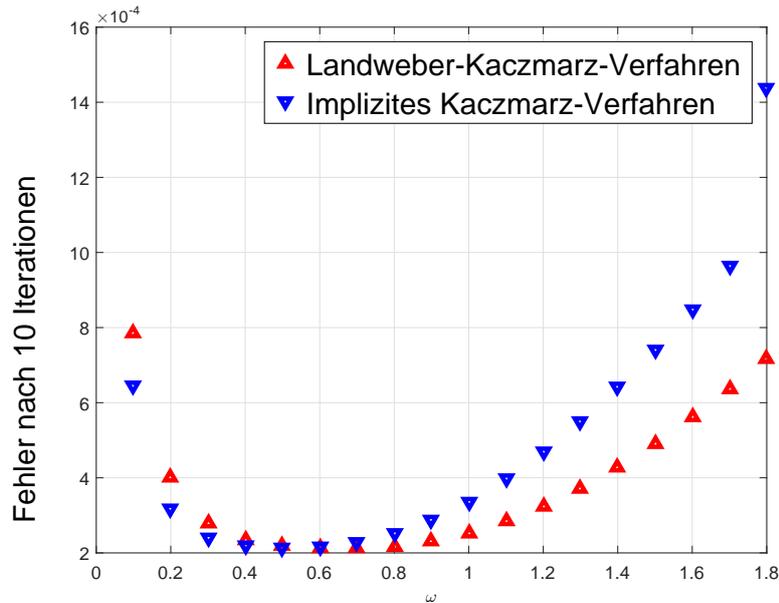


Abbildung 3.6.: Implizites Kaczmarz-Verfahren (das Bild wurde für die Publikationen Bannasch et al. [BFPR14] und Bannasch et al. [BFWR14] erstellt):

Für diese Abbildung wurde ein Shepp-Logan-Phantom mit einer (64×64) -Auflösung iterativ rekonstruiert, siehe 3.4. Für die Rekonstruktion lag eine entsprechende Systemmatrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{(133 \cdot 616) \times 64^2}$ explizit mit Fächerstrahlengeometrie vor. Sie wurde dazu genutzt, einen konsistenten CT-Datensatz mit einem Detektor bestehend aus 616 Pixeln und Projektionen aus 133 Blickwinkeln zu simulieren.

Der relative Fehler pro Voxel $\frac{\|\mu_{\text{Rek}} - \mu_{\text{SL}}\|_2}{M}$ nach jeweils zehn Iterationen mit dem Landweber-Kaczmarz-Verfahren und dem Verfahren aus Gleichung (3.22) wurde für verschiedene Relaxationsparameter ω in der Abbildung abgetragen. Der Newton-Schritt m wurde auf eine Iteration begrenzt. Im bezüglich ω stabilen optimalen Bereich sind qualitativ keine Unterschiede erkennbar.

einer Diagonalmatrix und es gilt auch exakt $\mathbf{C}_i = (\mathbf{A}_i \mathbf{A}_i^T)^{-1} = \frac{1}{\sigma_i^2} \mathbf{I}$. □

Wir betrachten nun die Klasse der expliziten Verfahren und entsprechend die Schrittweitenbedingung (A.7), wie im Anhang A.3 beschrieben, von Dahlquist, da wir mit der rechten Seite $\chi(\mu) := -\mathbf{A}^T \mathbf{A} \mu + \mathbf{A}^T \mathbf{p}$ unseres Zeitfluss-Problems ein System gewöhnlicher Differentialgleichungen vorliegen haben. Dafür betrachten wir den vereinfachten Fall $P = 1$ (das Gesamtsystem), um eine notwendige Bedingung für Konvergenz zu definieren.

Wir betrachten hierzu eine Matrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{N \times M}$ mit $N \geq M$ und $\text{Rang}(\mathbf{A}) = M$. Es sei ohne Beschränkung der Allgemeinheit der homogene Fall $\mathbf{p} = \mathbf{0}$ und zur Initialisierung der Eigenvektor μ_e zum (betragsmäßigen) größten Eigenwert $\sigma_{\max}^2 =: \lambda > 0$ der quadratischen Form $\mathbf{A}^T \mathbf{A}$ gegeben. Dann folgt die Differentialgleichung

$$\begin{aligned} \dot{\mu} &= -\mathbf{A}^T \mathbf{A} \mu + \mathbf{A}^T \mathbf{p} = -\mathbf{A}^T \mathbf{A} \mu, \\ \mu(0) &= \mu_0 := \mu_e. \end{aligned}$$

So induziert ein Relaxationsparameter $\omega > 0$ ein konvergentes Zeitfluss-Verfahren, wenn für die Stabilitätsfunktion analog zu Dahlquist, siehe Anhang A.3 Gleichung (A.7), die Bedingung $|R(\omega)| < 1$ gilt.

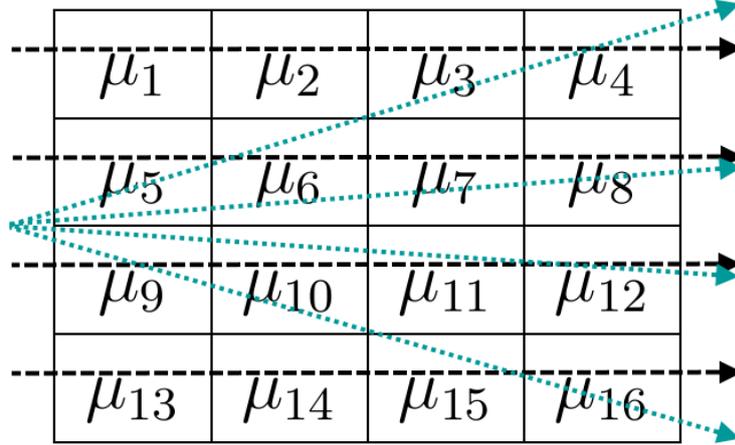


Abbildung 3.7.: Parallelstrahlengeometrie gegen Fächerstrahlengeometrie:

In einer Projektion unter dem Blickwinkel von 0° durchleuchten die jeweiligen Strahlen bei Parallelstrahlengeometrie eine disjunkte Menge an Voxeln. Die Wahrscheinlichkeit, dass ein Voxel von verschiedenen Strahlen unter einem beliebigen Blickwinkel mehrfach durchleuchtet wird, ist bei einer Fächerstrahlengeometrie verhältnismäßig höher.

Beispiel Für das Landweber-Verfahren folgt aus

$$\begin{aligned}\boldsymbol{\mu}_{n+1} &= \boldsymbol{\mu}_n - \omega \mathbf{A}^T \mathbf{A} \boldsymbol{\mu}_n \\ \boldsymbol{\mu}(0) &= \boldsymbol{\mu}_e\end{aligned}$$

und demnach ist

$$\boldsymbol{\mu}_{n+1} = (1 - \omega \lambda)^n \boldsymbol{\mu}_e = R(\omega) \boldsymbol{\mu}_e.$$

Es ist konvergent, wenn die Stabilitätsbedingung $|R(\omega)| < 1$ erfüllt ist, und es folgt $0 < \omega < \frac{2}{\lambda}$. Des Weiteren sehen wir hier das alternierende Verhalten für $1 < \omega < \frac{2}{\lambda}$, falls $0 < \lambda < 2$ ist. Das entspricht den Aussagen, die wir aus Satz nach Natterer und Wübbeling ableiten konnten.

Wir übertragen nun die Konvergenz-Bedingung $|R(\omega)| < 1$ auf die Kaczmarz-artigen Zeitfluss-Verfahren, indem wir für jedes KZFP $\dot{\boldsymbol{\mu}} = -\mathbf{A}_i^T \mathbf{A}_i \boldsymbol{\mu} - \mathbf{A}_i^T \boldsymbol{\mu}_i$ den Parameter ω so wählen, dass die Relaxationsbedingungen $|R_i(\omega)| < 1$ für alle ω erfüllt sind. Verwenden wir jetzt das klassische Runge-Kutta-Verfahren mit den Stufen

$$\begin{aligned}\mathbf{k}_1 &= \mathbf{A}_{i_n}^T (\mathbf{p} - \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_n), \\ \mathbf{k}_2 &= \mathbf{A}_{i_n}^T (\mathbf{p} - \mathbf{A}_{i_n} (\boldsymbol{\mu}_n + \frac{\omega_{i_n}}{2} \mathbf{k}_1)), \\ \mathbf{k}_3 &= \mathbf{A}_{i_n}^T (\mathbf{p} - \mathbf{A}_{i_n} (\boldsymbol{\mu}_n + \frac{\omega_{i_n}}{2} \mathbf{k}_2)), \\ \mathbf{k}_4 &= \mathbf{A}_{i_n}^T (\mathbf{p} - \mathbf{A}_{i_n} (\boldsymbol{\mu}_n + \omega_{i_n} \mathbf{k}_3)),\end{aligned}$$

mit dem Aktualisierungsschritt

$$\boldsymbol{\mu}_{n+1} = \boldsymbol{\mu}_n + \frac{1}{6} (\mathbf{k}_1 + 2\mathbf{k}_2 + 2\mathbf{k}_3 + \mathbf{k}_4), \quad (3.23)$$

erhalten wir ein vierstufiges Verfahren der Ordnung $\mathcal{P} = 4$. Für das klassische Runge-Kutta-Verfahren gilt demnach

$$R_i(\omega) := 1 - \lambda_i \omega + \frac{1}{2} \lambda_i^2 \omega^2 - \frac{1}{6} \lambda_i^3 \omega^3 + \frac{1}{24} \lambda_i^4 \omega^4.$$

Es muss $0 < |R_i(\omega)| < 1$ gelten und wir suchen direkt nach dem Minimum.

Wir betrachten die zweite Ableitung von

$$R_i(\omega)'' = \lambda_i^2 - \lambda_i^3 \omega + \frac{1}{2} \lambda_i^4 \omega^2 = \frac{1}{2} \lambda_i^4 \left(\frac{1}{\lambda_i^2} + \left(\frac{1}{\lambda_i} - \omega \right)^2 \right) > 0$$

und sehen, dass $R_i(\omega)'$ streng monoton wachsend und daher eine bijektive Funktion ist. Das heißt, das Polynom $R_i(\omega)'$ hat lediglich eine Nullstelle, die gleichzeitig das globale Minimum von $R_i(\omega)$ ist, da der führende Koeffizient von $R_i(\omega)$ positiv ist. Dabei ist $\omega > 0$, da $R_i'(0) = -\lambda < 0$ ist.

Die Nullstelle von $R_i(\omega)'$ kann hier mit dem Newton-Verfahren approximiert werden. \square

Der Vorteil der expliziten Kaczmarz-artigen Zeitfluss-Verfahren ist der erweiterte Stabilitätsbereich. Während das Landweber-Kaczmarz-Verfahren (RK-1) durch die obere Grenze $\omega < 2$ beschränkt ist, erhält das Kaczmarz-artige klassische Runge-Kutta-Verfahren (RK-4) aus Gleichung (3.23) für den Parameter $\omega = 2$ mit $R_i(2) = \frac{1}{3} < 1$ die Konvergenz. Das heißt, dass wir durch eine höhere Ordnung \mathcal{P} gleichzeitig eine stabilere Methode erhalten. Das Resultat ist eine mathematische Regularisierung, die ohne physikalisches Vorwissen auskommt.

Eine weitere Interpretation der Zeitfluss-Verfahren erreichen wir, wenn wir für die expliziten Runge-Kutta-Verfahren eine alternative Darstellung wählen. Das wollen wir anhand klassischer Runge-Kutta-Verfahren vorführen und verwenden die Funktion $\chi_{i_n}(\boldsymbol{\mu}_n) = \mathbf{A}_{i_n}^T(\mathbf{p} - \mathbf{A}_{i_n} \boldsymbol{\mu}_n)$. Das führt zu der Formulierung

$$\begin{aligned} \mathbf{k}_1 &= \boldsymbol{\mu}_n, \\ \mathbf{k}_2 &= \boldsymbol{\mu}_n + \frac{\omega_{i_n}}{2} \chi_{i_n}(\mathbf{k}_1), \\ \mathbf{k}_3 &= \boldsymbol{\mu}_n + \frac{\omega_{i_n}}{2} \chi_{i_n}(\mathbf{k}_2), \\ \mathbf{k}_4 &= \boldsymbol{\mu}_n + \omega_{i_n} \chi_{i_n}(\mathbf{k}_3), \\ \boldsymbol{\mu}_{n+1} &= \boldsymbol{\mu}_n + \frac{\omega_{i_n}}{6} (\chi_{i_n}(\mathbf{k}_1) + 2 \cdot \chi_{i_n}(\mathbf{k}_2) + 2 \cdot \chi_{i_n}(\mathbf{k}_3) + \chi_{i_n}(\mathbf{k}_4)) \\ &= \boldsymbol{\mu}_n + \omega_{i_n} \left(\mathbf{A}_{i_n}^T(\mathbf{p} - \frac{1}{6} \mathbf{A}_{i_n}(\mathbf{k}_1 + 2\mathbf{k}_2 + 2\mathbf{k}_3 + \mathbf{k}_4)) \right) \end{aligned} \quad (3.24)$$

und wir erkennen, dass jede Stufe einzeln betrachtet einen Kaczmarz-Schritt mit einer variierten Schrittweite darstellt. Das Inkrement ist dann eine Konvexkombination der jeweiligen Einzelschritte, die mit einem einzelnen Subsystem berechnet wurden.

Die Reihenfolge der Subsysteme bei einem Kaczmarz-Schritt ist formal beliebig wählbar, sodass wir durch den Index $m(n) = \lfloor \frac{n}{\mathcal{P}} \rfloor$ mit $n, m \in \mathbb{N}_0$ und dem Verfahren

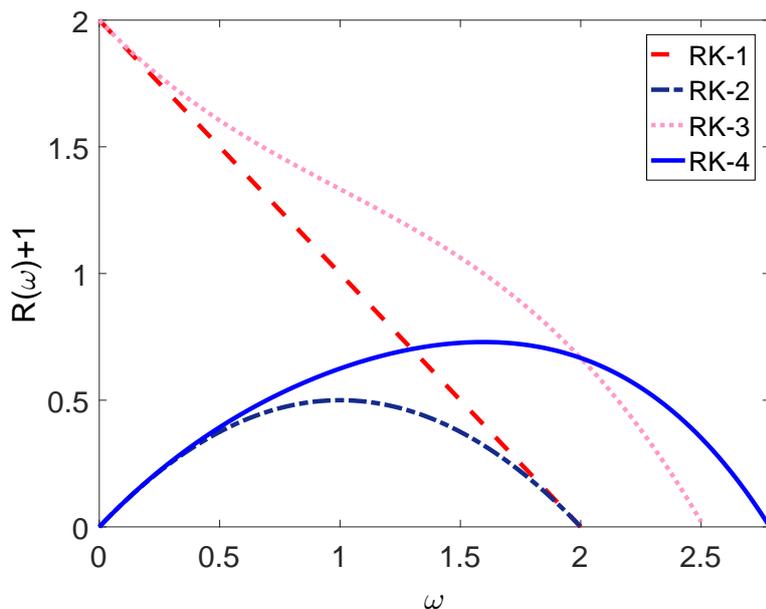
$$\begin{aligned} \mathbf{k}_1 &= \boldsymbol{\mu}_{m(n)} := \boldsymbol{\mu}_m, \\ \mathbf{k}_2 &= \boldsymbol{\mu}_m + \frac{\omega_{i_n}}{2} \chi_{i_n}(\mathbf{k}_1), \\ \mathbf{k}_3 &= \boldsymbol{\mu}_m + \frac{\omega_{i_{n+1}}}{2} \chi_{i_{n+1}}(\mathbf{k}_2), \\ \mathbf{k}_4 &= \boldsymbol{\mu}_m + \omega_{i_{n+2}} \chi_{i_{n+2}}(\mathbf{k}_3), \\ \boldsymbol{\mu}_{m+1} &= \boldsymbol{\mu}_{m(n+4)} = \boldsymbol{\mu}_m + \omega_{i_{n+3}} \left(\mathbf{A}_{i_{n+3}}^T(\mathbf{p} - \frac{1}{6} \mathbf{A}_{i_{n+3}}(\mathbf{k}_1 + 2\mathbf{k}_2 + 2\mathbf{k}_3 + \mathbf{k}_4)) \right) \end{aligned} \quad (3.25)$$

die Konvexkombination auch aus verschiedenen Subsystemen bilden können. Ausgehend von einem Initial $\boldsymbol{\mu}_m$ berechnen wir nun drei Kaczmarz-Schritte mit jeweils unterschiedlichen Subsystemen. Die daraus entstehende gewichtete Summe wird für den Aktualisierungsschritt $\boldsymbol{\mu}_{m+1}$ wiederholt mit einem Kaczmarz-schritt berechnet. Diese Variante benötigt für eine Inkrementierung (im Wesentlichen) ebenfalls \mathcal{P} Vor- und Rückprojektionsoperationen, jedoch wird diese in Gleichung (3.25) erst nach \mathcal{P} Subiterationen berechnet.

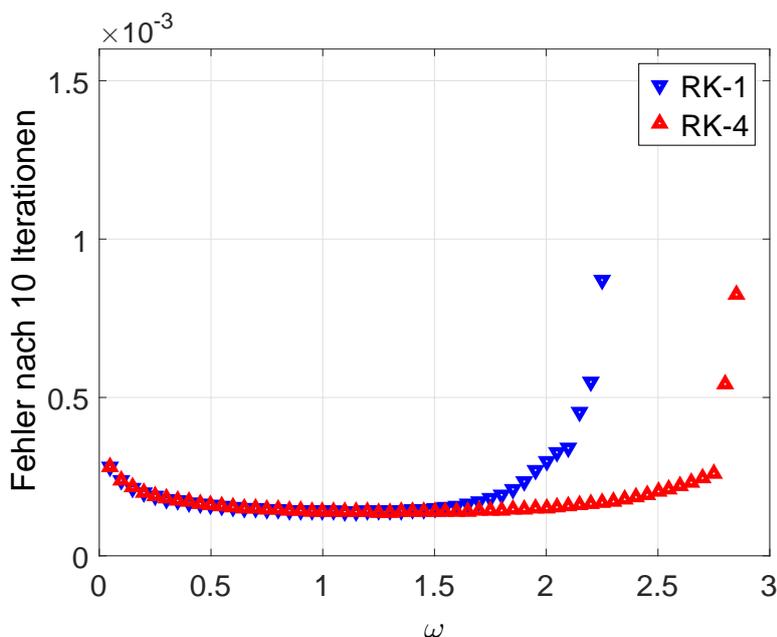
Trotz ursprünglich Stufen-bedingter erhöhter Rechenkomplexität kann so das beispielsweise vierstufige Verfahren auf die Rechenzeit gebracht werden, die vom Kaczmarz-Landweber-Verfahren benötigt würde.

Numerische Resultate (Teil I)

Wir untersuchen zuerst die Kaczmarz-artigen Zeitfluss-Verfahren vom Typ nach Gleichung (3.23) und wiederholen zunächst das kurze Experiment, das für Abbildung 3.6 erläutert wurde. Danach betrachten wir den Fehler $\frac{\|\mu_{\text{Rek}} - \mu_{\text{SL}}\|_2}{M}$ nach zehn Iterationen mit jeweils dem Niveau 736, einem Winkel entsprechend und mit dem gleichen Versuchsaufbau wie in Tabelle 3.4 aus dem letzten Beispiel aus diesem Kapitel 3.2. Es liegt die Systemmatrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{(133 \cdot 616) \times 64^2}$ mit Fächerstrahlengeometrie vor und es wird wieder das Sheep-Logan-Phantom verwendet. Anhand Abbildung 3.8 sehen wir deutlich, dass sich der Relaxationsbereich in Abhängigkeit zur Konvergenzordnung vergrößert. Die dazugewonnene Stabilität bewirkt, dass der Überlagerung der Messfehler entgegengewirkt wird und wir daher in diesem Kontext ebenfalls von einer Regularisierung reden wollen.



(a) Stabilitätsbereich der Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren dargestellt im Bereich $0 < R(\omega) + 1 < 2$.



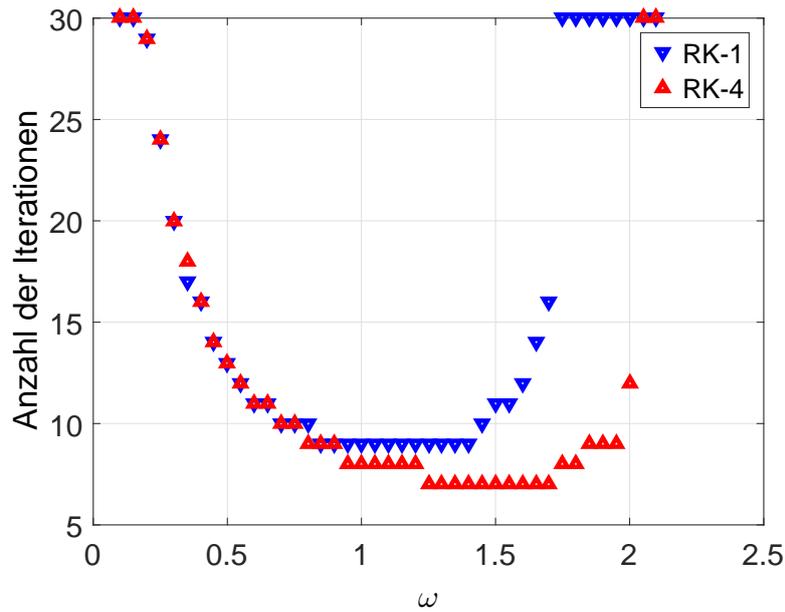
(b) Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren der Ordnung 1 und 4 im Vergleich nach 10 Iterationen.

Abbildung 3.8.: Stabilitätsbereich der Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren (Bildvorlage entstammt aus Bannasch et al. [BWR13]):

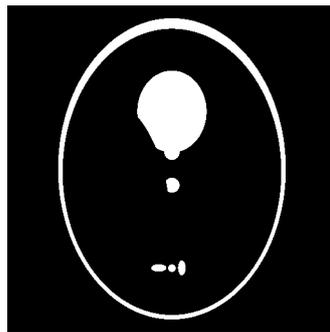
Wir nehmen zur Vereinfachung einen Eigenwert $\lambda = 1$ an. Zur Veranschaulichung der Vergrößerung der Stabilitätsbereiche sehen wir in Abbildung 3.8 (a) die Relaxationsbedingungen $R(\omega)$ des Zeitfluss-Verfahrens 1-ter Ordnung (RK-1), das Landweber-Kaczmarz-Verfahren bis hin zum klassischen Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren 4-ter Ordnung (RK-4).

Das Ergebnis in Abbildung 3.8 (b) bestätigt den Stabilitätsbereich der Kaczmarz-artigen Verfahren der Ordnung $\mathcal{P} = 1$ und $\mathcal{P} = 4$.

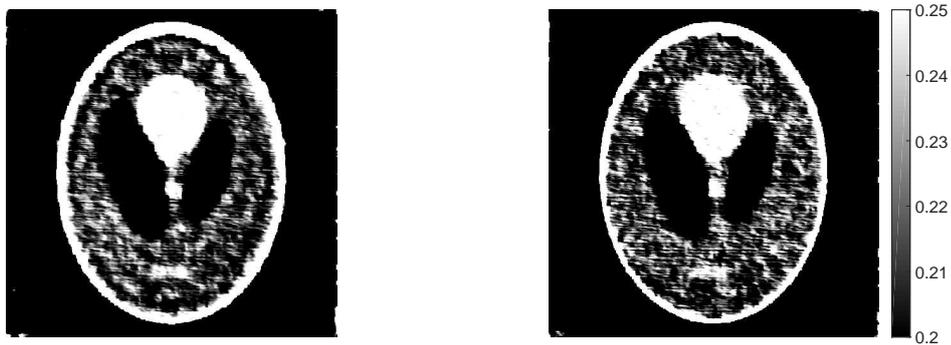
Es ist ebenso möglich, die Huber-Regularisierung aus Gleichung (3.15) in die Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren zu integrieren. Hierzu addieren wir den Term $\beta \nabla V(\boldsymbol{\mu}_n)$ auf den Aktualisierungsschritt und approximieren die entsprechende dynamische Relaxation mit dem vorgestellten Newton-Kaczmarz-Schritt. Wir wiederholen den Versuchsaufbau laut Tabelle 3.2 aus Abschnitt 3.2 und Rekonstruieren ein (520×520) -CT-Bild mit den regularisierten Verfahren, RK-1 und RK-4. Das heißt, wir haben eine Bildgebung mit Parallelstrahlengometrie, 30 Winkeln und Projektionen mit 736 Extinktionen.



(a) Stabilitätsbereich der Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren dargestellt analog zu Abbildung 3.5.



(b) Originales Shepp-Logan-Phantom.



(c) RK-4-Rekonstruktion mit dem dynamischen Relaxationsparameter $(\tilde{\omega}_{i_n})_j$, $\omega = 1,5$ und 7 Iterationen.

(d) RK-1-Rekonstruktion mit dem dynamischen Relaxationsparameter $(\tilde{\omega}_{i_n})_j$, $\omega = 1,0$ und 9 Iterationen.

Abbildung 3.9.: Stabilitätsbereich der Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren mit Huber-Regularisierung:

Wir vergleichen das Kaczmarz-Newton-Verfahren und klassische 4-stufige Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren mit analoger Integration der Huber-Regularisierung aus Gleichung (3.15).

Methode	Niveau	Anz. an Operation	Zeit pro Iteration
RK-1	$P = 30 \cdot 736$	$\mathcal{O}(NM)$	0,61s
RK-4	$P = 30 \cdot 736$	$\mathcal{O}(4NM)$	0,93s
RK-1	$P = 736$	$\mathcal{O}(N_iM)$	0,10s
RK-4	$P = 736$	$\mathcal{O}(4N_iM)$	0,23s

Tabelle 3.5.: Kaczmarz-artige Zeitfluss-Verfahren im Vergleich

Diskussion

Diese grundlegenden Ansätze zu den Zeitfluss-Verfahren wurden in Bannasch et al. [BWR13] zusammengefasst. Sie haben leider den entschiedenen Nachteil, dass sich mit einer höheren Ordnung ebenfalls der Rechenaufwand proportional erhöht. Das sehen wir schnell anhand des klassischen Runge-Kutta-Verfahren aus Gleichung (3.23) ein. Für die Berechnung eines Aktualisierungsschritts benötigen vier (rechenintensive) Vor- und Rückprojektionen.

Wiederholen wir ebenfalls das zu Abbildung 3.5 2D-Experiment mit Parallelstrahlengeometrie und simuliertem Rauschen, dann sehen wir auch in Abbildung 3.9 eine Erweiterung des Stabilitätsbereichs. Qualitativ ist ein Unterschied zu leichten Gunsten von RK-4 durch schärfere Kanten festzustellen. Darüber hinaus wird das im Vorfeld festgelegte Abbruchkriterium $rRMSE < 0,25$ mit einem regularisierten Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren höherer Ordnung schneller erreicht, als es beim Kaczmarz-Newton-Verfahren der Ordnung $\mathcal{P} = 1$ der Fall ist.

Anhand Tabelle 3.5 sehen wir einen Sprung der Rechenzeiten, die sich von RK-1 auf RK-4 lediglich verdoppeln, obwohl sich die Stufen aufgrund der einzelnen Aktualisierungsschritte mit den \mathbf{k}_l 's schwer parallel berechnen lassen. Jedoch erreichen wir nach Abbildung 3.9 auch hier nicht eine Reduktion auf die Hälfte an Iterationen, sodass der Zugewinn an Stabilität in einem suboptimalen Verhältnis zur Rechenlaufzeit steht.

Numerische Resultate (Teil II)

Das modifizierte Zeitfluss-Verfahren aus Gleichung (3.25) würde der Rechenkomplexität einer SART mit einem Dimensionsniveau⁸ $4 \cdot (616 \cdot 480)$ entsprechen. Innerhalb der vier Stufen werden vier verschiedene Projektionendatensätze verarbeitet, um das Inkrement zu berechnen. Das heißt, dass jedes $4 \cdot (616 \times 480)$ -dimensionale Subsystem wiederum der Komplexität von vier Kaczmarz-Schritten mit jeweils einem 616×480 -dimensionalen Subsystem entspricht, welches wir insbesondere anhand der Stufen \mathbf{k}_1 , \mathbf{k}_2 , \mathbf{k}_3 und \mathbf{k}_4 in Gleichung (3.25) erkennen. So benötigt das Verfahren im Wesentlichen die gleiche Rechenzeit für eine Iteration, bei dem jede Projektion genau einmal verarbeitet wird, wie das einstufige Landweber-Kaczmarz-Verfahren. Nun ist zu erwarten, dass aufgrund der Austausch-Modifikation keine bemerkenswerte Beschleunigung eintritt, aber sich die erweiterte Stabilität der Runge-Kutta-Verfahren auf die Rekonstruktionstechnik überträgt. Denn in Kapitel 4.2 werden wir sehen, dass sich das inverse Problem der Computertomographie wiederholt verschlechtert und wir eine Regularisierungsstrategie benötigen, die eine stabile Rekonstruktionstechnik bei gleich hohem Rechenaufwand liefert.

Bevor wir die Stabilität der modifizierten Verfahren überprüfen, erweitern wir unsere numerischen Mittel. Wir werden unter anderem die Simulations-Software *TIGRe* (steht engl. für *Tomographic Iterative GPU-based Reconstruction Toolbox*) von Biguri et al. [BDHS16] für CBCT und das von Manhart [Man] entworfene *Digital brain perfusion phantom* (DBP)

⁸Es werden hier also Projektionen aus vier verschiedenen Blickwinkel zu einem Subsystem zusammengefasst.

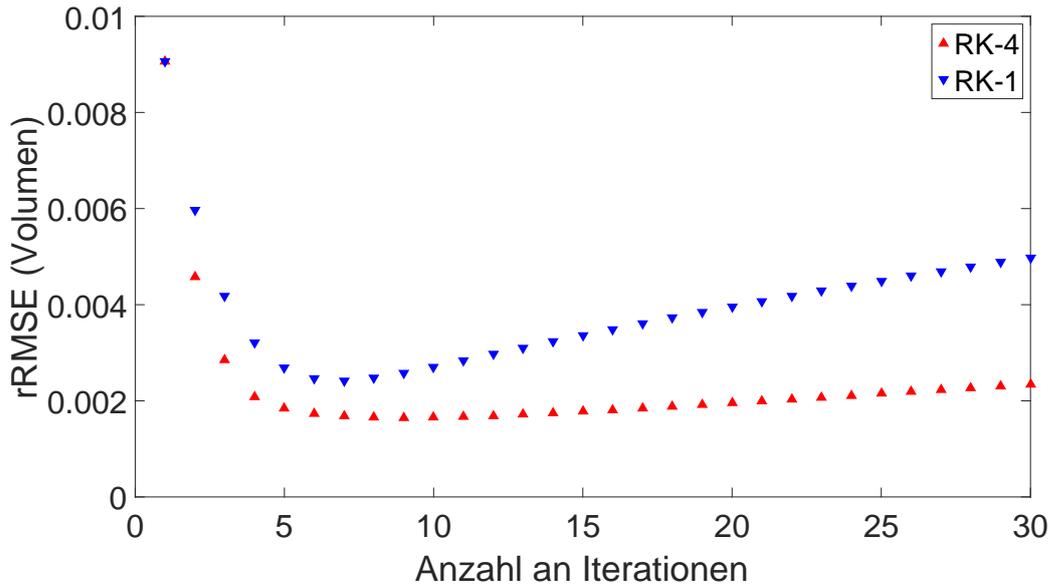
Technische Parameter	Werte
Winkel-Inkrement	$\sim 1, 2^\circ$
Winkelbereich pro Rotation	200°
Quelle-zu-Detektor-Distanz	1200mm
Quelle-zu-Isocenter-Distanz	750mm
Detektorpixelgröße	$(0, 616 \times 0, 616)\text{mm}^2$
Anzahl der Detektorpixel	616×480
Anzahl der Projektionen	164
Volumenauflösung (DBP)	$256 \times 256 \times 256$
Volumengröße	$(230 \times 230 \times 179)\text{mm}^3$
Bildgebung	Kegelstrahlen-CT

Tabelle 3.6.: Technische Parameter für den Akquisition-Modus III

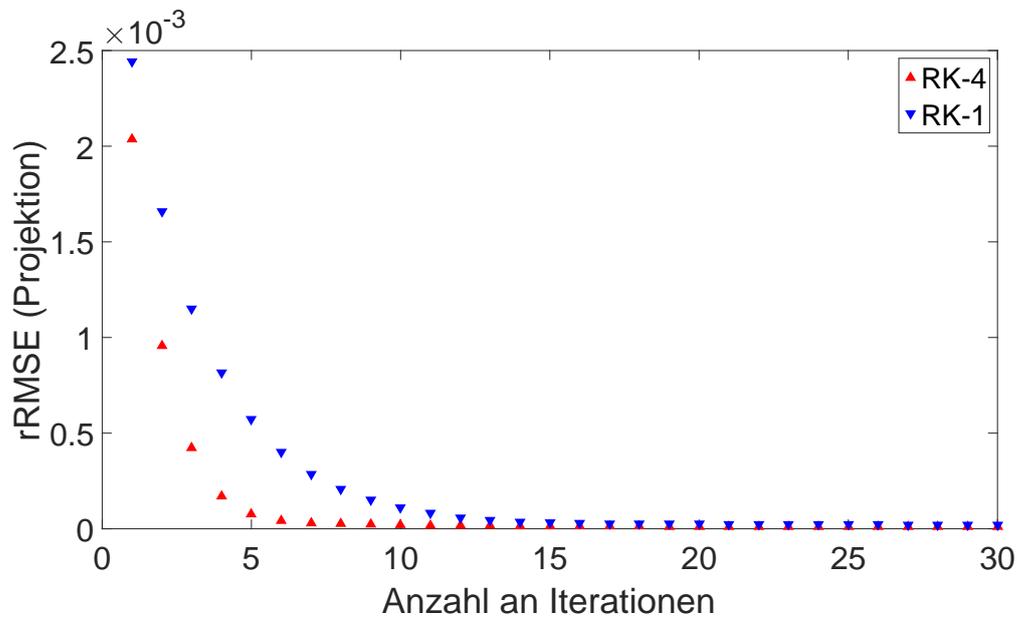
verwenden, das von Aichert et al. [AMN⁺13] dokumentiert wurde. Wir verwenden für dieses numerische Experiment die Ausgangssituation des eigentlich dynamischen DBP, sodass wir die Rekonstruktion eines Gehirn-Phantoms untersuchen. Mit diesen Werkzeugen⁹ erstellen wir mit dem DBP eine CT-Rekonstruktionsaufgabe, die einem C-Bogen-CT über 200° mit 164 äquidistant abgetasteten Projektionen entspricht. Jede Projektion wurde mit einem Flachdetektor mit einer 616×480 -Auflösung gemessen beziehungsweise simuliert. Das wiederum entspricht bei einem C-Bogen-System, wie der Siemens Artis Zeego (siehe Abbildung 3.1), einem typischen sogenannten 4er *Binning*. Das heißt, dass 4 Detektorpixel zu einem Detektorelement zusammengefasst werden. Alle für die Simulation relevanten technischen Parameter, die wir TIGRe übergeben, haben wir in Tabelle 3.6 als Akquisition-Modus III zusammengefasst.

Die in TIGRe vorprogrammierten Vor- und Rückprojektionsoperatoren haben wir dazu benutzt, um das Landweber-Kaczmarz-Verfahren mit $\mathbf{C}_i = \frac{1}{\lambda_i} \mathbf{I}$ und entsprechend das klassische Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren aus Gleichung (3.25) zu implementieren.

⁹Die Besonderheit im Gegensatz zu fast allen bisherigen Experimenten besteht darin, dass nun die Systemmatrix nicht explizit vorliegt. Diese Werkzeuge wurden bereits dafür verwendet, um die Abbildung 2.1 und 2.2 anzufertigen.



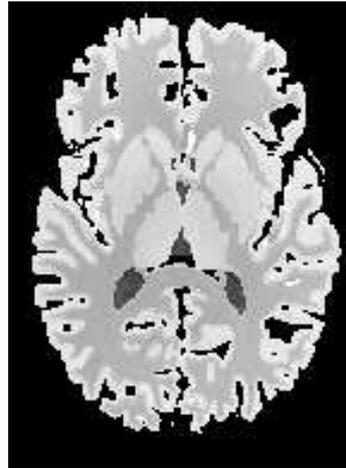
(a) Relativer Fehler (rRMSE) pro Voxel $\frac{\|\mu_{\text{Rek}} - \mu_{\text{DBP}}\|_2}{M}$ im Volumenraum.



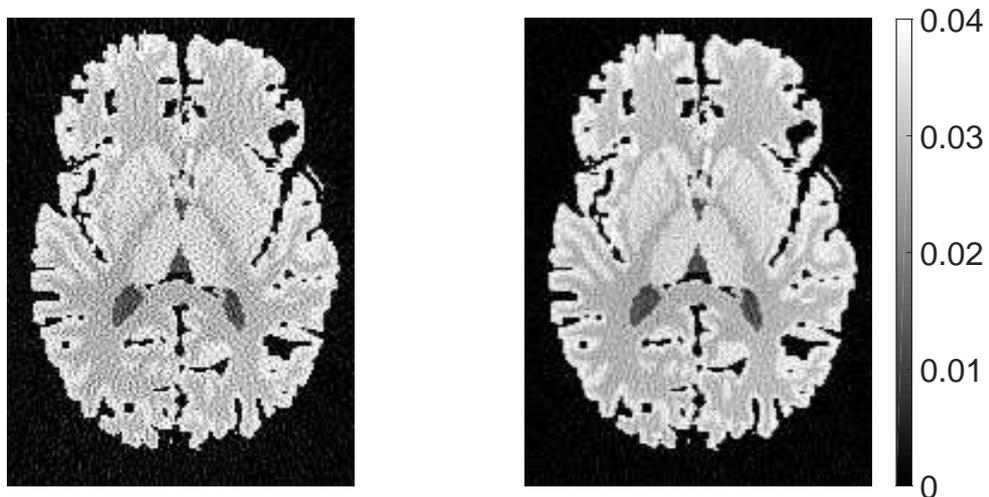
(b) Relativer Fehler (rRMSE) pro Pixel $\frac{\|A\mu_{\text{Rek}} - p\|_2}{N}$ im Projektionsraum.

Abbildung 3.10.: Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren im Vergleich:

Beide Verfahren wurden mit der Wahl $\omega = 1$ relaxiert und jeweils der Fehler für 30 Iterationen dargestellt. RK-1 erreicht sein Optimum nach 7 Iterationen und RK-4 seines nach 10 Iterationen.



(a) Original DBP ohne Knochen



(b) Landweber-Kaczmarz-Rekonstruktionen nach 7 Iterationen

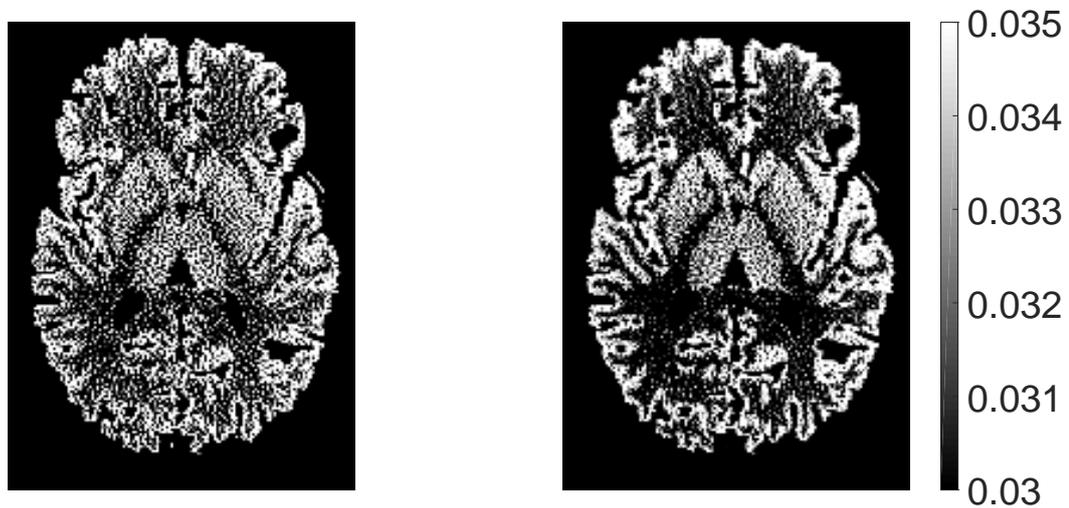
(c) Runge-Kutta-Zeitfluss-Rekonstruktionen nach 30 Iterationen

Abbildung 3.11.: Rekonstruktionen im Vergleich:

Wir illustrieren hier die zentrale Gehirn-Schicht. Für die Rekonstruktion der jeweiligen CT-Bilder wurde der Relaxationsparameter $\omega = 1$ gewählt. Die Grauwerte des Phantoms entstammen ursprünglich einer Magnetresonanztomographie (MRT). Die Fensterung orientiert sich am DBP, was bedeutet, dass die rekonstruierten Werte nur in Grauwerten zwischen 0 und 0,04 dargestellt werden.



(a) Original DBP ohne Knochen



(b) Landweber-Kaczmarz-Rekonstruktionen nach 7 Iterationen

(c) Runge-Kutta-Zeitfluss-Rekonstruktionen nach 30 Iterationen

Abbildung 3.12.: Rekonstruktionen im Vergleich:

Mit der Fensterung der CT-Bilder aus Abbildung 3.11 mit den Grauwerten zwischen 0,03 und 0,035 verstärkt sich der qualitative Unterschied der Rekonstruktionen nochmal.

Für die Simulation verwenden wir ein Niveau $616 \cdot 480$ und tauschen das Subsystem mit dem größten Winkelabstand (also maximal 90°) aus. Zu den Projektionen des DBP-Gehirns (ohne Schädelknochen) fügen wir weiter Poisson-verteiltes Photonerauschen sowie elektronisches Gauß'sches Rauschen hinzu. Wir verwenden die Voreinstellung von TIGRe und simulieren damit eine Eingangsintensität \mathcal{I}_0 entsprechend einer durchschnittlichen Photonenzahl von $\mathcal{N}_0 = 10^5$. Die Gauß'sche Normalverteilung zentrieren wir mit dem Erwartungswert 0 und setzen die Standardabweichung auf 10. Wir haben damit eine C-Bogen-CT-Simulation vorliegen, welche die Realität relativ nah wiedergibt.

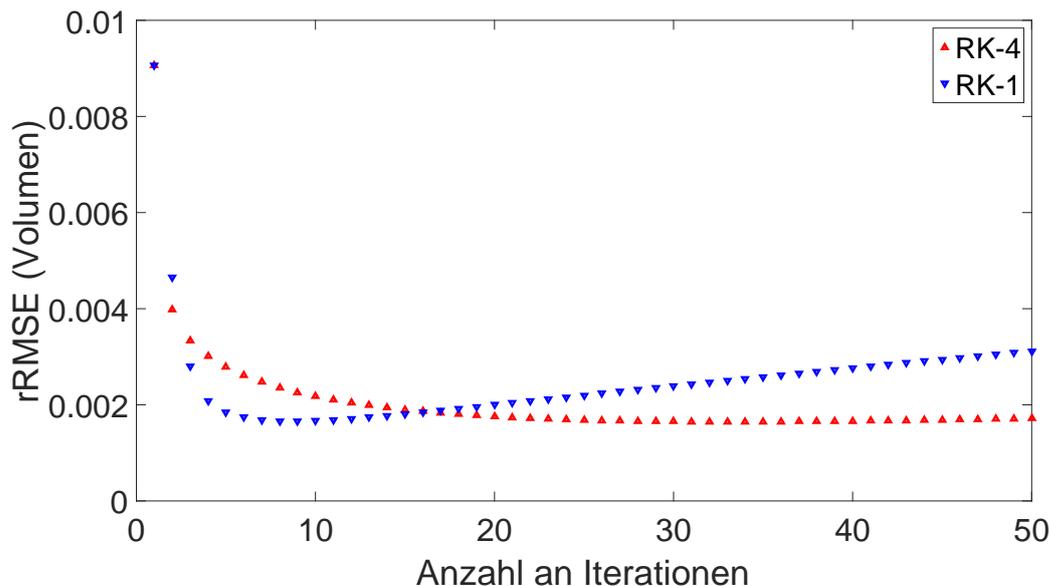


Abbildung 3.13.: Rungge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren nach 50 Iterationen im Vergleich: Beide Verfahren wurden mit der Wahl $\omega = 0,25$ relaxiert und relativem Fehler pro Voxel $\frac{\|\mu_{\text{Rek}} - \mu_{\text{DBP}}\|_2}{M}$ im Volumenraum dargestellt. RK-1 erreicht sein Optimum nach 8 Iterationen und RK-4 seines nach 31 Iterationen.

Bemerkung Neben einer FDK- hat TIGRe auch eine SART-Implementierung im Sortiment. Ebenso bietet das Software-Paket ein OS-Schema an, mit dem wir zum einen die Größe des Subsystems ändern und zum anderen die Anordnung der Winkel für die Rekonstruktion manipulieren können. Der entschiedene Vorteil an TIGRe ist der, dass durch in *CUDA* programmierte Operationen die Projektoren durch einen Grafikprozessor (GPU, engl. *graphics processing unit*) berechnet werden können und dies die Rechenzeit entsprechend reduziert.

Zudem merken wir an dieser Stelle explizit an, dass wir keine Positivitätsbedingung in die hiesige Rekonstruktionsalgorithmik integriert haben. \square

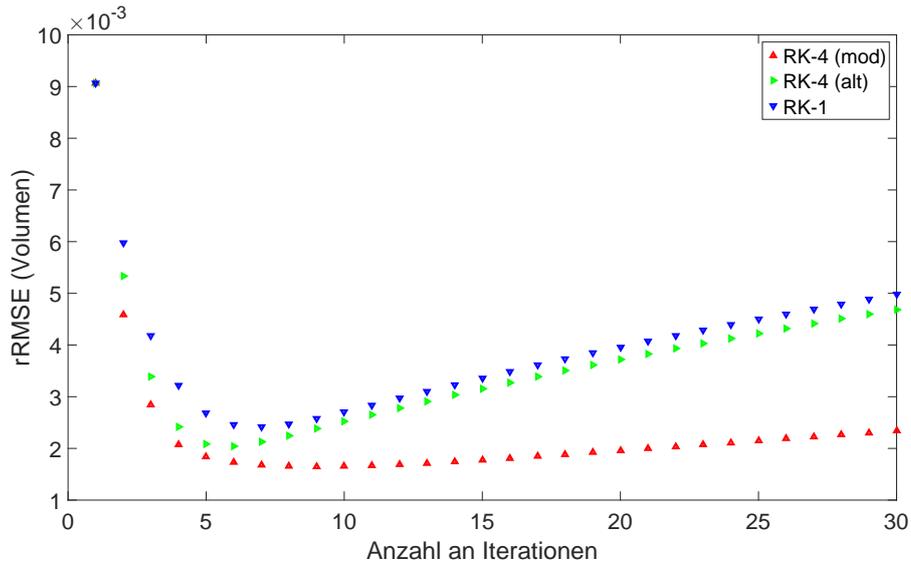
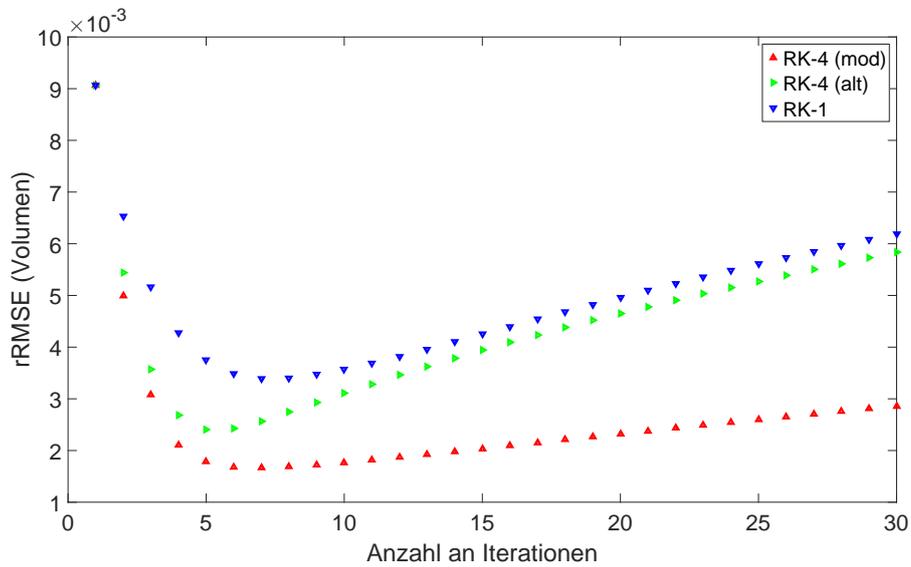
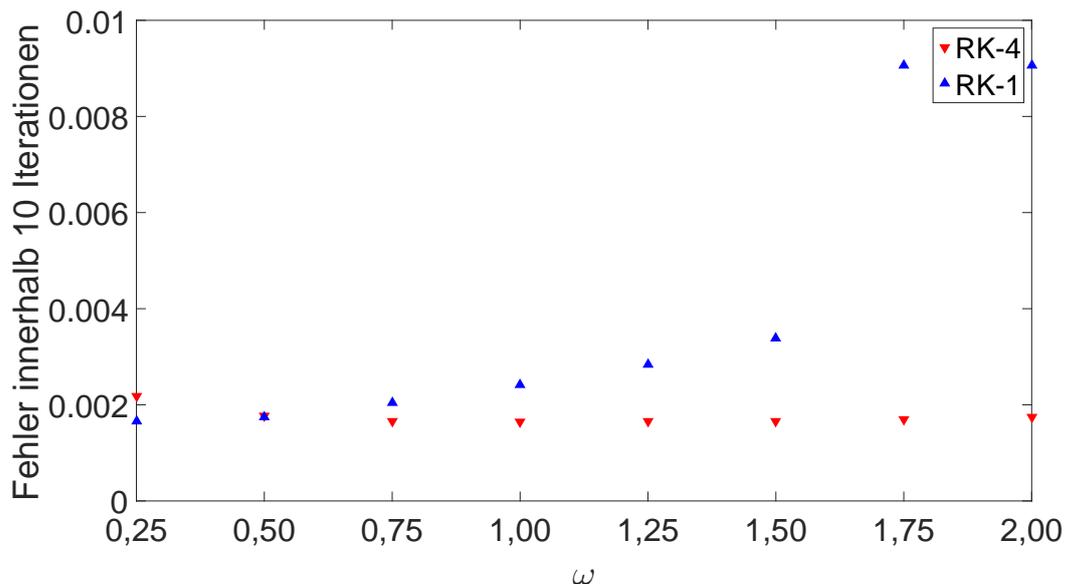
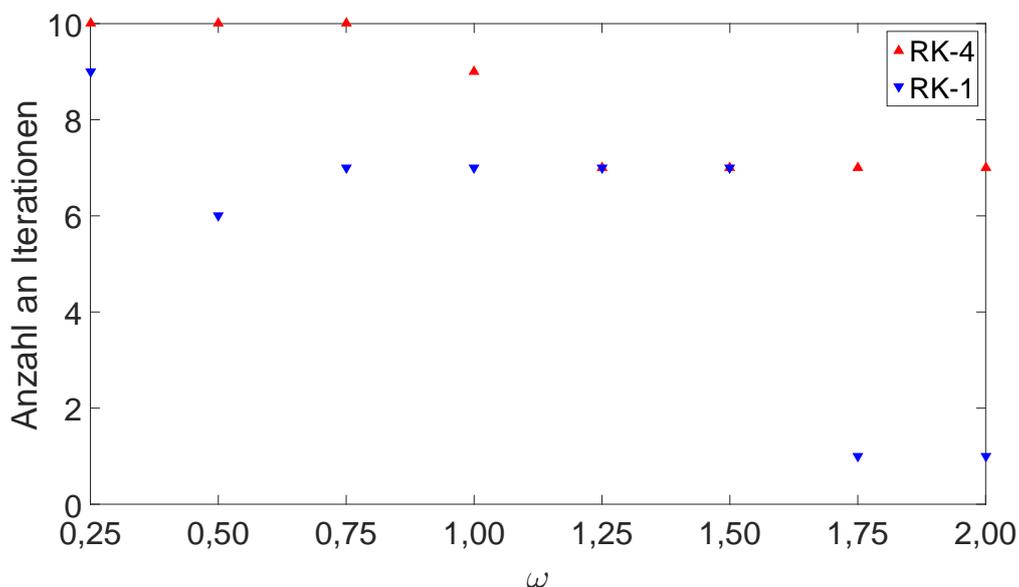
(a) Rekonstruktion mit $\omega = 1,0$ (b) Rekonstruktion mit $\omega = 1,5$

Abbildung 3.14.: Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren im weiteren Vergleich:

Wir ziehen hier das vierstufige unmodifizierte Runge-Kutta-Verfahren (3.23) mit den Relaxationsparametern $\omega = 1$ (oberes Bild) und $\omega = 1,5$ (unteres Bild) hinzu. Die Ergebnisse mit $\omega = 0,5$ sind Fehler, die analog zu RK-1 in Abbildung 3.13 verlaufen. Daher wird auf die Illustration dieses Verlaufes verzichtet.



(a) Kleinster Fehler, der binnen 10 Iterationen erreicht werden kann.



(b) Anzahl an Iterationen bis der kleinste Fehler binnen 10 Iterationen erreicht wird.

Abbildung 3.15.: Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren nach 50 Iterationen im Vergleich:

Wir sehen den kleinsten Fehler, der innerhalb von 10 Iterationen mit verschiedenen Relaxationsparametern erreicht werden kann, und die Anzahl an Iterationen, nach denen wir dafür abbrechen mussten. Die Gesamtanzahl der Iterationen ist dabei auf 10 beschränkt. Bei dem Landweber-Kaczmarz-Verfahren können wir davon ausgehen, dass das optimale Ergebnis damit schon erreicht wird und der Fehler beim Weiterführen wieder wächst. Unter Berücksichtigung der Fehler in Verbindung mit der Anzahl an Iterationen, sowie in Anbetracht der Iterationen von Abbildung 3.13, zeigen diese Abbildungen, dass das RK-4-Verfahren sein optimales Ergebnis für $\omega < 1$ noch nicht erreichen konnte.

Mit einer (*NVIDIA GeForce GTX 1070*) Grafikkarte benötigt eine RK-1-Iteration ~ 28 s und die RK-4-Iteration mit ~ 30 s nur unerheblich mehr, wobei das Defizit noch durch eine

effizientere Implementierung behebbar sein könnte. Beispielsweise wurde die Anzahl der Winkel mit 164 vorgegeben, um eine vereinfachte Implementierung zu ermöglichen.

Diskussion

Die Problematik in der medizinischen Bildgebung besteht darin, dass wir im Allgemeinen kein reales und gleichzeitig exaktes Vergleichsobjekt haben. So sind quantitative Evaluationen mit Patientendatensätzen nur begrenzt durchführbar, weshalb wir auf eine Simulationsstudie ausweichen.

Wir sehen anhand Abbildung 3.10, dass der rRMSE im Projektionsraum eine stabile Konvergenz suggeriert. Jedoch zeigt der Fehler im Volumenraum, dass insbesondere das Landweber-Kaczmarz-Verfahren (RK-1) nach Erreichen des Optimums anfängt zu divergieren, wobei der rRMSE im Projektionsraum weiterhin Konvergenz nach der 15ten Iteration verspricht. Der Grund hierfür liegt in der Simulation von hinreichend starkem Rauschen in den Projektionen und dem damit verbundenen Stabilitätsverlust. In anderen Worten heißt das, dass wir nach Hadamard (siehe Kapitel 2.2) keine stetige inverse Abbildung zwischen Projektions- und Volumenraum vorliegen haben. Eine verstärkte Dämpfung durch einen kleinen Relaxationsparameter, wie in Abbildung 3.13 illustriert, mit $\omega = 0,25$ kann das Optimum des einstufigen Landweber-Kaczmarz-Verfahrens zwar verbessern, aber das Verfahren nicht hinreichend stabilisieren. In der CT-Forschung wird dennoch häufig auf den rRMSE im Projektionsraum zurückgegriffen. Das erklärt sich natürlich dadurch, dass in der Realität die exakte Tomographie im Allgemeinen nicht verfügbar ist.

Das modifizierte vierstufige Runge-Kutta-Zeitfluss-Verfahren weist eine deutliche Verstärkung der Stabilitätseigenschaften auf. Die Divergenz lässt sich zwar nicht vollständig vermeiden, aber das Verfahren weist eine wesentlich geringere Sensitivität auf, als das einstufige Pendant.

Der Unterschied macht sich qualitativ bereits nach wenigen Iterationen in Abbildung 3.11 und 3.12 bemerkbar. Während die Rekonstruktion mit RK-4 im Wesentlichen stabil ist, sehen wir qualitativ das *Verrauschen* bei der RK-1-Rekonstruktion. Das bestätigt die quantitative Analyse aus Abbildung 3.10, bei der das Landweber-Kaczmarz-Verfahren nach der 7-ten Iteration sein Optimum erreicht. Die Rekonstruktion unterliegt aber dem suboptimalen RK-4-Ergebnis nach 30 Iterationen. Einer Sicherung oder Verbesserung der Rekonstruktionsgüte des einstufigen Verfahrens würde beispielsweise die Integration einer weiteren Regularisierung benötigen.

Bemerkung Für die medizinische Diagnostik hat die qualitative Evaluation eines CT-Bilds Priorität. Daher sind Regularisierungs-Strategien, wie die Integration der Huber-Funktion als Bestrafungspotential, nur bedingt einsetzbar. Diese erhalten zwar verstärkt die Konvergenz, wirken sich jedoch je nach Parameterwahl von β, γ manipulativ auf die Qualität des CT-Bilds aus. Kanten werden verstärkt und homogen-wirkende Flächen geglättet, wodurch die Rekonstruktion einen *verwaschenen* Eindruck bewirkt. Dieses *Verwaschen* wird in der CT-Forschung auch *blurring* genannt und kann ebenfalls durch verstärktes filtern in der Nachverarbeitung, auch *post processing* genannt, entstehen. Die medizinischen Bedenken bestehen schließlich darin, dass auf diese wichtige morphologische Details für die Diagnostik im Bild unkenntlich geworden sein könnten. \square

Wir haben aber gesehen, dass eine Regularisierung der ART auch durch eine Erweiterung des stabilen Konvergenzbereichs der Fixpunktiteration erzielt wird und kann mit dem Rückgriff auf die Klasse der Runge-Kutta-Verfahren erreicht werden. So erhalten wir eine stabile Methode, die ohne einen zusätzlichen nicht-linearen Term, wie beispielsweise bei der Huber-Regularisierung, auskommt. Wir sind daher in der Lage die Bildqualität zu steigern,

ohne aktiv das CT-Bild während der Rekonstruktion zu verfälschen. Insbesondere können wir durch die vorgeschlagene Modifikation (3.25) den Stabilitätsbereich vergrößern, ohne die Rechenzeiten im Vergleich zu einer üblichen ART-Iteration zu verschlechtern. Im Vergleich zu den modifizierten Verfahren RK-1 und RK-4 benötigen wir mit dem klassischen Runge-Kutta-Verfahren nach Vorschrift (3.23) $\sim 1,8$ min anstatt $\sim 0,5$ min pro Iteration, wobei kein nennenswerter Stabilitätsgewinn bei dieser Simulationsstudie auftritt (siehe Abbildung 3.14).

Bei dem Runge-Kutta-Verfahren 3.25 mit einem Austausch der Subsysteme innerhalb der Stufen, wird ein größerer Datensatz für einen Aktualisierungsschritt verwendet als beim Pendant ohne Modifikation. In unserem Fall eines vierstufigen Verfahrens ist die Datenmenge viermal so groß, die als Konvexkombination das Inkrement ergibt und somit Rauschen in der Rekonstruktion reduziert wird.

Erst mit einer hinreichend kleinen Schrittweite, wie in Abbildung 3.13 illustriert, erreichen die Verfahren mit einem Subsystem pro Subiteration ihr Optimum nach einer geringeren Anzahl an Iterationen. Die Variation der Schrittweite kann hierbei durch eine stärkere Relaxation, wie zum Beispiel mit der Wahl $\omega \leq 0,5$ oder durch die Vergrößerung des Niveaus eines Subsystems gesteuert werden, da der Eigenwert λ zusammen mit dem Niveau größer wird. Es ist aber damit ebenfalls zu erwarten, dass das Optimum insgesamt später erreicht wird.

Zusammengefasst liefert uns das modifizierte vierstufige Runge-Kutta-Verfahren bei einer im Wesentlichen gleichbleibenden Rechenkomplexität eine stabilere Rekonstruktionstechnik als sein einstufiges Pendant, das Landweber-Kaczmarz-Verfahren. Neben der Stabilität zeigt uns Abbildung 3.15 weiter, dass für eine optimale Rechendauer, die wir nun an der Anzahl an Iterationen messen, insbesondere für $1 < \omega < 2$ das Landweber-Kaczmarz-Verfahren spricht. Dieses Phänomen kehrt sich für $\omega > 1$ wieder um. Wir interpretieren nun den betragsgrößten Eigenwert λ_i als Schrittweitensteuerung in Abhängigkeit zur Systemgröße, da er sich erfahrungsgemäß mit der Größe der Subsysteme zusammenwächst. Dann folgt für ein stabiles Transitschema, dass kleine Subsysteme mit einem RK-4 iteriert werden sollten. Für größere Subsysteme, wie beispielsweise das Gesamtsystem, kann das Landweber-Kaczmarz-Verfahren verwendet werden, sodass wir schließlich ein sehr stabiles ART für inkonsistente CT-Probleme, wie das in Kapitel 4.2, erhalten.

4. Dynamische Computertomographie

4.1. Perfusionsbildgebung

Bei dem pseudo-statischen Ansatz (PSt, siehe Kapitel 1) stellt jede statische Rekonstruktion eine Mittlung der zeitlichen Informationen der verwendeten Projektionen dar. Denn aus den Daten jeder einzelnen Rotation wird jeweils ein statisches CT-Bild berechnet, welches anschließend als eine Momentaufnahme der Perfusion interpretiert wird. Dabei entsteht die Problematik, dass ein C-Bogen-System im Gegensatz zu einem CT eine deutlich langsamere Rotationsgeschwindigkeit besitzt und darüber hinaus nicht in der Lage ist, kontinuierliche Rotationen zu fahren. Grund ist dafür die fehlende Integration der Scheifringtechnologie, weshalb die Verbindung zur C-Bogen-Gantry über Kabelanschlüsse verläuft. Wir benötigen jedoch ein sogenanntes multiples Akquisitionsprotokoll, engl. auch *mutitply sweep protocol* genannt, um eine zeitlich aufgelöste Rekonstruktion erreichen zu können. Das bedeutet, dass die Gantry das Volumen mit einer Serie von Rotationen chronologisch abtasten muss, um für jeden Zeitpunkt genügend viele Projektionen für eine CT-Rekonstruktion zu generieren. Die besagten Kabelanschlüsse bedingen, dass das C-Bogen-System bei einem multiplen Protokoll nach einer 200° -Rotation für eine weitere zeitnahe Akquisition eine Rückwärts-Rotation fährt. Wir wollen uns daher darauf einigen, die erste, beziehungsweise die ungeraden C-Bogen-Rotationen, als Vorwärts-Rotation zu bezeichnen und geradzahlige Durchläufe entsprechend Rückwärts-Rotation (engl. *forward* beziehungsweise *backward sweep*) zu benennen.

Weiter benötigt das C-Bogen-System zwischen den (Vorwärts- und Rückwärts-) Rotationen eine Datenausleserate, die ~ 1 s dauert. Wir stehen demnach einer dynamischen Röntgenstrahl-Transformation gegenüber, bei der die Dynamik nicht vernachlässigbar ist.

Definition 4.1.1: Dynamische Röntgenstrahl-Transformation

Sei der Schwächungskoeffizient $\mu \in \mathcal{S}(\mathbb{R}^m \times \mathbb{R}_{\geq 0})$ eine Schwartz-Funktion und die zylindrische Menge mit $\mathcal{Z}' = \{(\boldsymbol{\theta}, \mathbf{x}) \mid \boldsymbol{\theta} \in \mathcal{S}^{m-1}, \mathbf{x} \in \mathbb{H}(\boldsymbol{\theta}, 0)\}$ gegeben, dann ist für ein $s \in \mathbb{R}$ die *dynamische* Röntgenstrahl-Transformation $\mathcal{D}\mu : \mathcal{S}(\mathbb{R}^m \times \mathbb{R}_{\geq 0}) \rightarrow \mathcal{S}(\mathcal{Z}' \times \mathbb{R}_{\geq 0})$ als das zeitabhängige Linienintegral

$$\mathcal{D}\mu(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}, t) := \int_{\mathbb{R}} \mu(\mathbf{x} + s \cdot \boldsymbol{\theta}, t) ds \quad (4.1)$$

definiert.

Das zeitliche Inkrement der Kontrastmittelverteilung im Blut zwischen den Projektionen ist direkt an die Rotationsgeschwindigkeit des Systems gekoppelt. Diskretisieren wir zunächst im Ort, so können wir annehmen, dass ein mit $\mathbf{p}(t) = \mathbf{A} \cdot \boldsymbol{\mu}_p(t) \approx \mathcal{D}\mu_p(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}, t)$ in der Zeit kontinuierliches dynamisches CT-System, wie bisher auch, mit einer Systemmatrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{N \times M}$ vorliegt. Sei die Akquisitionszeit über eine kompakte Menge $\Omega := [0, T] \subset \mathbb{R}_{\geq 0}$ definiert, dann sind $\boldsymbol{\mu}_p(t)$ sowie $\mathbf{p}(t)$ auf Ω stetig differenzierbare Abbildungen mit $\boldsymbol{\mu}_p : (\mathbb{R}^M \times \Omega) \rightarrow \mathcal{S}(\mathbb{R}^M \times \Omega)$ beziehungsweise $\mathbf{p} : \mathcal{S}(\mathbb{R}^M \times \Omega) \rightarrow \mathcal{S}(\mathcal{Z}' \times \Omega)$.

Wir gehen weiter davon aus, dass die gemessenen Projektionen $\mathbf{p}(t)$ eine Superposition der Kontrastmittelverteilung mit der anatomischen Struktur widerspiegeln. Das bedeutet, dass vor der dynamischen Akquisition ein weiterer Projektionsdatensatz $\mathbf{c} \in \mathcal{S}(\mathcal{Z}')$ ohne Bolus, eine sogenannte Maske mit $\mathbf{c} = \mathbf{A}\boldsymbol{\mu}_c$, erhoben und anschließend vom dynamischen Datensatz abgezogen wird. Wir treffen damit die Annahme, dass die aus

$$\mathbf{p}(t) - \mathbf{c} = \mathbf{A}\boldsymbol{\mu}_p(t) - \mathbf{A}\boldsymbol{\mu}_c = \mathbf{A} \cdot (\boldsymbol{\mu}_p(t) - \boldsymbol{\mu}_c) := \mathbf{A} \cdot \boldsymbol{\mu}(t) := \mathbf{b}(t) \quad (4.2)$$

gewonnenen subtrahierten Daten¹ ausschließlich die zeitliche Information der Kontrastmittelverteilung enthält. Insbesondere gilt

$$\mathbf{A}_\alpha \cdot \boldsymbol{\mu}(t) = \mathbf{b}_\alpha(t) \quad (4.3)$$

unter einem festen Blickwinkel $\alpha \in (0, 2\pi]$.

Es bezeichne nun $\varphi \in \{1, 2, \dots, \Pi\}$ einen Index, mit dem einer Projektion unter einem beliebigen Blickwinkel $\alpha \in (0, 2\pi]$ eine natürliche Nummerierung eindeutig zugeordnet werden kann. Das heißt, es gelte mit $\sum_{\varphi=1}^{\Pi} N_\varphi = N$ mit $\mathbf{b}^T(t) = (\mathbf{b}_1^T(t), \dots, \mathbf{b}_\Pi^T(t))$ für alle $\varphi \in \{1, 2, \dots, \Pi\}$ ebenfalls $N_1 = N_2 = \dots = N_\Pi$.

Definieren wir einen weiteren Index $h \in \Omega_H := \{1, 2, \dots, H\} \subset \Omega$ für ein zeitliches Inkrement, sodass $H \in \mathbb{N}$ Anzahl der insgesamt akquirierten Projektionen ist. Das dynamische CT-System lässt sich dann mit $\mathbf{b}^h = \mathbf{A} \cdot \boldsymbol{\mu}^h$ in der Zeit diskretisieren.

Gehen wir nun von einem multiplen Akquisitionsprotokoll aus, bei dem alle Rotationen mit stets den gleichen einzelnen Blickwinkeln abgetastet werden. Dann erhalten wir für ein CT mit einer vollen 360°-Umdrehung das äquidistante Abtastmuster $\varphi_h \equiv ((h - 1) \bmod \Pi) + 1$ in der Zeit.

Für ein C-Bogen-CT, das dieses Protokoll mit wiederholenden Halbkreisrotationen umsetzt, bekommen wir mit

$$\varphi_h \equiv \begin{cases} ((h - 1) \bmod \Pi) + 1, & \text{für eine Vorwärts-,} \\ (\Pi - (h - 1) \bmod \Pi) + 1, & \text{für eine Rückwärts-} \end{cases} \quad (4.4)$$

rotation, ein alternierendes zeitliches Muster.

Bemerkung Eine technische Beschreibung einer C-Bogen-basierten CT-Perfusionsbildgebung in einem interventionellen OP findet sich im Artikel von Fieselmann und Manhart [FM13a].

□

Durch diese temporalen Zuordnungen von Subsystem zu Abtastpunkt kann jede dynamische Projektion mit $\mathbf{b}_{\varphi_h}^h = \mathbf{A}_{\varphi_h} \cdot \boldsymbol{\mu}^h$ beschrieben werden. Damit erhalten wir eine diskrete Formulierung der dynamischen Röntgenstrahl-Transformation aus Gleichung (4.1) mit

$$\begin{aligned} \mathbf{D} &:= \left(\left(\begin{pmatrix} \mathbf{A}_1 \\ \mathbf{O} \\ \vdots \\ \mathbf{O} \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} \mathbf{A}_2 \\ \vdots \\ \mathbf{O} \end{pmatrix}, \dots, \begin{pmatrix} \mathbf{O} \\ \vdots \\ \mathbf{O} \\ \mathbf{A}_\Pi \end{pmatrix} \right) \right) \hat{=} \text{Perfusion-Systemmatrix,} \\ \mathbf{M} &:= \left(\left(\begin{pmatrix} \boldsymbol{\mu}^1 \\ \vdots \\ \boldsymbol{\mu}^\Pi \end{pmatrix}, \dots, \begin{pmatrix} \boldsymbol{\mu}^{H^*+1} \\ \vdots \\ \boldsymbol{\mu}^H \end{pmatrix} \right) \right) \hat{=} \text{Schwächungskoeffizient,} \\ \mathbf{B} &:= \left(\left(\begin{pmatrix} \mathbf{b}_1^1 \\ \vdots \\ \mathbf{b}_{\varphi_h}^{\varphi_h} \\ \vdots \\ \mathbf{b}_\Pi^\Pi \end{pmatrix}, \dots, \begin{pmatrix} \mathbf{b}_1^{H^*+1} \\ \vdots \\ \mathbf{b}_{\varphi_h}^{H^*+\varphi_h} \\ \vdots \\ \mathbf{b}_\Pi^H \end{pmatrix} \right) \right) \hat{=} \text{Projektionen,} \end{aligned}$$

wobei $H^* = H - \Pi$ ist.

Das entsprechende dynamische inverse Problem kann nun mit dem System an Minimierungsproblemen

$$\|\mathbf{D} \cdot \mathbf{M} - \mathbf{B}\|_2 \rightarrow \min \quad (4.5)$$

¹Analog zur bereits erwähnten DSA werden im Allgemeinen zur Signalverstärkung subtrahierte Daten für die CT-Perfusionsbildgebung verwendet.

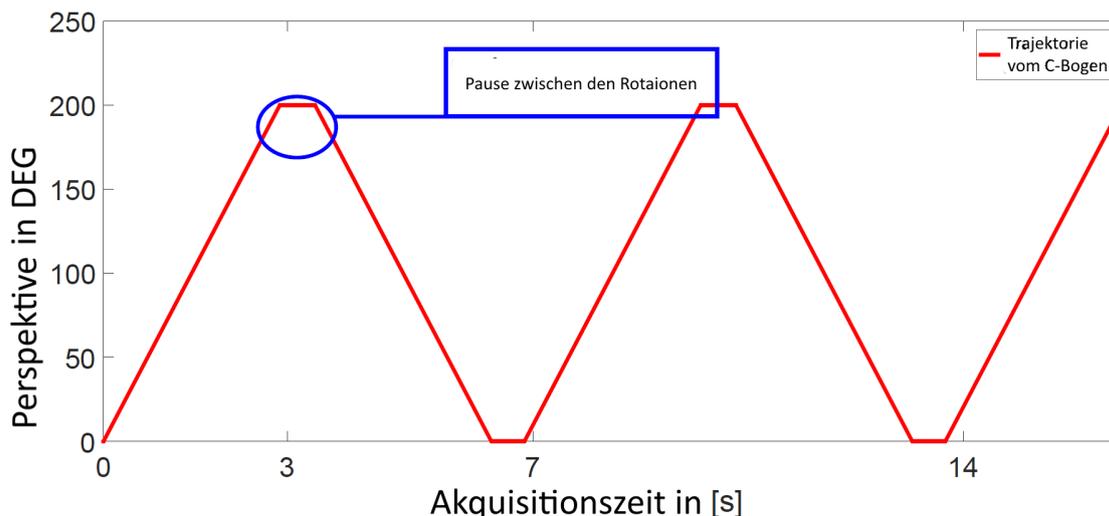


Abbildung 4.1.: Trajektorie eines C-Bogen-Systems:

Ein multiples Akquisitionsprotokoll mit einem C-Bogen-System besitzt ein alternierendes Muster. Der Detektor startet aus der Sicht des Patienten bei einer Vorwärtsrotation vom Grad $\sim 0^\circ$ und dreht bis $\sim 200^\circ$. Während dieser Kurz-Akquise werden 130 – 250 Projektionen aufgenommen und in einer anschließenden Pause ausgelesen. Die Rückwärtsrotation startet dann entsprechend bei $\sim 200^\circ$ und endet bei $\sim 0^\circ$. Es entsteht also ein alternierendes Muster, was aus 8 – 10 Rotationen bestehen kann.

beschrieben werden, wobei ein direktes Lösen praktisch nicht möglich ist.

Pseudo-statische Rekonstruktion und Perfusionskarten

Mit dem pseudo-statische Ansatz umgeht man das vollständige Rekonstruktionsproblem (4.5), indem jede Rotation als Momentaufnahme gedeutet wird. Es beschreibe dafür R die Anzahl an Rotationen und wir setzen $R \leq H$ für die Akquisitionsdauer voraus. Dann können wir die Matrix mit $\mathbf{M} := (\mathbf{u}_1, \dots, \mathbf{u}_R)$ in N -dimensionalen Spaltenvektoren unterteilen. Analog stellen wir die Matrix $\mathbf{B} := (\mathbf{b}_1, \dots, \mathbf{b}_R)$ mit N -dimensionalen Spaltenvektoren dar. Der PSt-Ansatz interpretiert nun jede Rotation $\tau \in \{1, \dots, R\} \subset \Omega_H$ als ein zeitliches Inkrement. Das Problem (4.5) wird so durch R Minimierungsprobleme $\|\mathbf{A}\mathbf{u}_\tau - \mathbf{b}_\tau\|_2 \rightarrow \min$ approximiert. Dabei wird technisch versucht, das Problem $\|\mathbf{b}_\tau - \mathbf{b}(t_\tau)\|_2 \rightarrow \min$ für alle $\tau \in \Omega_H$ und mit $t_h \in \Omega$ einzeln zu lösen. Die rekonstruierten Abtastpunkte werden anschließend durch Interpolation, wie beispielsweise in Montes et al. [ML07] demonstriert, in der Zeit vervollständigt.

Es ist hier ersichtlich, dass dieser Ansatz zu einer für die Diagnostik hinreichenden Rekonstruktion führen kann, wenn die Rotationsgeschwindigkeit der Gantry sehr hoch ist. Die Genauigkeit dieser Rekonstruktionstechnik nimmt an Zuverlässigkeit zu, wenn sich innerhalb einer Rotation der zeitliche Abstand zwischen den Projektionen verkleinert. Daher gilt hier auch die 4D-Perfusionsbildgebung, die mit einem konventionellen CT bereitgestellt wird, als Goldstandard.

Bemerkung Im Kontext dieser Arbeit wird die dynamische Computertomographie mit der 4D-Perfusionsbildgebung gleichgesetzt. \square

Nehmen wir an, dass ein in der Zeit aufgelöstes CT-Bild in Form der Zeit-Schwächungskurven,

Karte	Berechnungsformel für den j -ten Voxel
CBF ^a	$\frac{1}{\rho} \frac{\ \mu_j(t)\ _\infty}{\ \mu_{\max}(t)\ _\infty}$
CBV ^a	$\frac{1}{\rho} \frac{\int_0^T \mu_j(\tau) d\tau}{\int_0^T \mu_{\max}(\tau) d\tau}$
MTT ^b	$\frac{CBV_j}{CBF_j}$
TTP	$\arg_t \ \mu_j(t)\ _\infty$

Tabelle 4.1.: Medizinische Parameter

^aHier bezeichnet ρ die Gewebedichte.^bDiese Formel ist auch als *zentrales Volumen-Theorem* bekannt und wird im Artikel von Konstas et al. [KGLL09] erklärt.

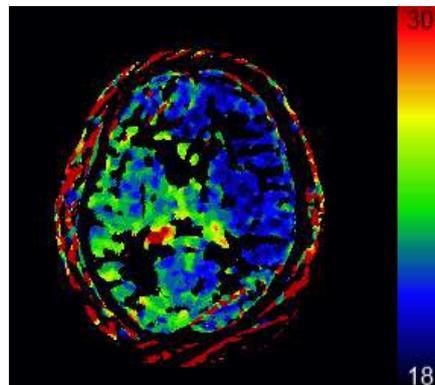
den engl. *time attenuation curves* (TACs), vorliegt. Dann betrachtet der Arzt nicht diese Kurven explizit, sondern verwendet spezifische medizinische Parameter für die medizinische Evaluation. Diese Parameter heißen *Perfusionskarten* und sind wichtige Hilfsmittel für die Schlaganfalldiagnostik. Sie sind im Wesentlichen dreidimensionale CT-Bilder, wobei hier im Allgemeinen weder Graustufen, noch die HU-Skala für die Visualisierung verwendet werden. Die Farbwahl und die Skalierung hängt von der Spezifikation der Karte ab und kann daher variieren. In dieser Arbeit beschränken wir uns auf vier Arten der Perfusionskarten, die zur medizinischen Diagnostik verwendet werden.

- Der zerebrale Blutfluss (CBF, engl. *cerebral blood flow*) gibt für jeden Voxel das Blutflussvolumen pro 100g Gehirnmasse und Minute an und wird daher in $\left[\frac{\text{ml}}{100\text{g}\cdot\text{min}}\right]$ angegeben.
- Das zerebrale Blutvolumen (CBV, engl. *cerebral blood flow*) gibt für jeden Voxel die gemessene Gesamtmenge an Blut pro 100g Gehirnmasse an und wird in $\left[\frac{\text{ml}}{100\text{g}}\right]$ erfasst.
- Die mittlere Transitzeit (MTT engl. *mean transit time*) ist die mittlere Durchblutungsdauer der gemessenen Perfusion pro Voxel. Das heißt, dass die MTT angibt, wie lang das Blut nach arterieller Zuführung im Mittel braucht, bis es in venöse Gefäße zum Abfluss übertritt. Sie wird daher in Sekunden [s] angegeben.
- Die Zeit bis zur maximalen Hyperdensität (TTP engl. *time-to-peak*) für jeden Voxel gibt die Dauer an, bei dem die Kontrastmittelkonzentration im Gewebe sein Maximum erreicht. Es sind damit die Zeitpunkte, zu denen jede TAC sein jeweiliges Maximum annimmt und werden in Sekunden [s] angegeben.

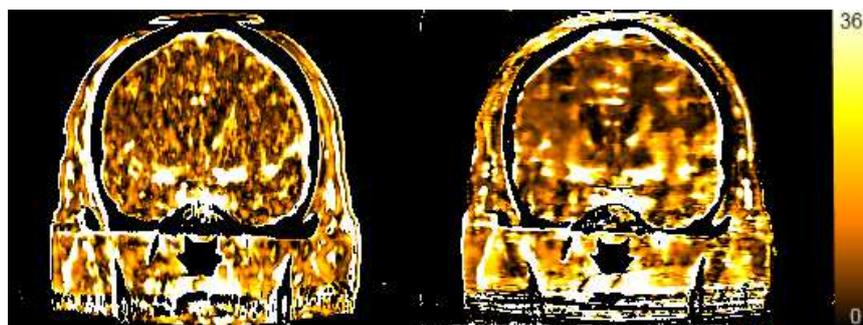
Für einen schnellen Zugriff auf weitere medizinische Details verweisen wir auf den Ratgeber [4]. Zur Berechnung der einzelnen Perfusionskarten verwenden wir in dieser Arbeit die Formeln aus Fieselmann et al. [FKG⁺11]. In Fieselmann et al. [FKG⁺11] wird jede TAC durch eine Faltung der arteriellen Zuflussdynamik $\mu_{\max}(t)$ (AIF, arterielle Eingangsbeziehungswise Input-Funktion) mit einer Residualfunktion modelliert. Dies ermöglicht die Verwendung eines Dekonvolution-Ansatzes, der für die Perfusionsbildgebung genutzt werden kann. In dieser Arbeit greifen wir auf den äquivalenten Ansatz des maximalen Anstiegs (engl. *maximum slope approach*), siehe Tabelle 4.1, zurück, welcher ebenfalls in Fieselmann et al. [FKG⁺11] vorgeschlagen wird.

Die CT-Perfusionsbildgebung zielt zusammenfassend darauf ab, spezifische medizinische Parameter zu erzeugen. Die dynamische Bildgebung mit einem C-Bogen-System hat sogar das Potential, eine CT-Perfusionsbildgebung direkt im OP bereitzustellen. Jedoch ist der PSt-Ansatz trotz der hohen Rotationszeiten die Grundlage der C-Bogen-basierten Perfusionsbildgebung. Der potentielle Verlust an Bildqualität wird zu Gunsten geringerer Rechenzeiten in Kauf genommen, was bereits in Fieselmann und Manhart [FM13b] diskutiert wurde. Es entstehen so viele Rekonstruktionsprobleme, wie dynamische Kurz-Akquisen aufgenommen wurden. Diese CT-Probleme können mit dem PSt-Ansatz parallel berechnet werden. Die technische Lösung sind momentan Akquisitionsprotokolle, wie in Tabelle 4.2

zu sehen, sodass schnelle Verfahren, wie beispielsweise die FDK, brauchbare Ergebnisse liefern.



(a) ML-Newton-basierte rekonstruierte TTP-Perfuionskarte einer axialen Schicht. Die Farbskala entstammt dem Siemens Prototypen, der im Artis Zeego integriert ist.



(b) ML-Newton-basierte rekonstruierte CBF-Perfuionskarte (rechts) einer frontalen Schicht, auch Koronalebene genannt. Links der gleiche medizinische Parameter mit einer FDK-Rekonstruktion berechnet. Die goldene Farbskala wurde aus der Publikation von Frysch et al. [FPB⁺14] überbommen.

Abbildung 4.2.: Perfusionskarten im Vergleich (Bilder entstammen dem Artikel von Frysch et al. [FPB⁺14]):

Wir sehen hier einen rekonstruierten Patientendatensatz, der mit dem C-Bogen-System Artis Zeego akquiriert wurde. Die CT-Perfusiondaten wurden mit dem PSt-Ansatz und verschiedenen Methoden statisch rekonstruiert. Der Patient besitzt hier ein Blutflussdefizit in der rechten Hemisphäre. Die Farbkodierung der Perfusionskarten hat keine allgemeingültige Konvention.

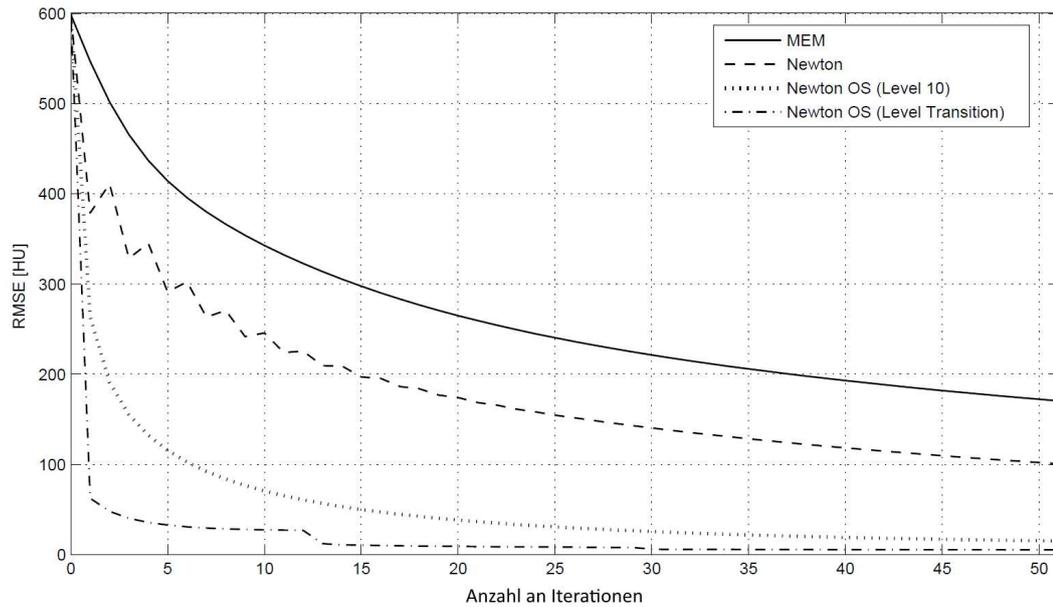


Abbildung 4.3.: ML-Geschwindigkeit (Bild entstammt aus dem Artikel von Frysch et al. [FPB⁺14]):

Wir sehen den RMSE der zentralen Schicht von vier verschiedenen Varianten einer ML-Rekonstruktion angegeben in der Hounsfield-Skala HU. Der Fehler wurde mit der Hilfe eines im Wesentlichen aus-iterierten Volumens berechnet.

Beispiel Die Rekonstruktion mit dem PSt-Ansatz lässt sich bereits mit dem Rückgriff auf iterative Methoden verbessern, indem statt der FDK die ML-Methoden aus Kapitel 3 verwendet werden. Qualitativ sehen wir in Abbildung 4.2, dass das Newton-basierte ML-Verfahren

$$(\boldsymbol{\mu}_{n+1})_j = (\boldsymbol{\mu}_n)_j + \omega \cdot \frac{\sum_{i=1}^N a_{im} \left(\mathcal{N}_0 \exp(-\sum_{k=1}^M a_{ik} (\boldsymbol{\mu}_n)_k) - \exp(-p_i) \right)}{\mathcal{N}_0 \sum_{i=1}^N a_{im}^2 \exp(-\sum_{k=1}^M a_{ik} (\boldsymbol{\mu}_n)_k)}, \quad (3.9)$$

mit dem Erweiterungs-Term (3.10) bessere CT-Bilder liefert, als die FDK. Es handelt sich hier um einen Patientendatensatz, der aus dem C-Bogen-System Artis Zeego mit den technischen Parametern (4.2) akquiriert wurde. Mit den iterativen Methoden erreichen wir eine höhere Weichteilkonstrastauflösung. Vergleichen wir die ML-Verfahren aus Kapitel 3 untereinander, dann sehen wir das weitere Optimierungspotential mit

$$(\boldsymbol{\mu}_{n+1})_j = (\boldsymbol{\mu}_n)_j + \omega \cdot (\boldsymbol{\mu}_n)_j \frac{\mathcal{N}_0 \sum_{i=1}^N a_{ij} \left(\exp(-\sum_{k=1}^M a_{ik} (\boldsymbol{\mu}_n)_k) - \exp(-p_i) \right)}{\sum_{i=1}^N a_{ij} \exp(-\sum_{i=1}^N p_i)}. \quad (4.6)$$

Das aus der Literatur stammende MEM-Verfahren in der Version von Lange und Fessler [LF95] erreicht hier die geringste Konvergenzordnung (siehe Abbildung 4.3). Die Newton-basierten ML-Verfahren lassen sich durch ein geordnetes Subsystemschema in Verbindung mit einem Transitschema weiter steigern, während das multiplikative Verfahren keine ausreichende Stabilität für kleinere Subsystem-Niveaus besitzt. \square

Nichtsdestotrotz werden für die Rekonstruktion dynamischer Daten mit dem PSt-Ansatz *schnellere* Algorithmen wie die FDK bevorzugt. Anstatt iterative Methoden zu benutzen, werden die im Allgemeinen PSt-FDK-rekonstruierten CT-Bilder, wie im Artikel von

Technische Parameter	Werte
Winkel-Inkrement	$\sim 1, 2^\circ$
Winkelbereich pro Rotation	200°
Quelle-zu-Detektor-Distanz	1200mm
Quelle-zu-Isocenter-Distanz	750mm
Detektorpixelgröße	$(0, 616 \times 0, 616)\text{mm}^2$
Anzahl der Detektorpixel	616×480
Anzahl der Projektionen	133
Volumenauflösung (DBP-Phantom)	$256 \times 256 \times 199$
Volumengröße	$\sim (238 \times 238 \times 185)\text{mm}^3$
Bildgebung	Kegelstrahlen-CT
Anzahl an Rotationen	10
Zeit pro Rotation	$\sim 2, 5\text{s}$
Auslese-Pause	$\sim 1\text{s}$

Tabelle 4.2.: Technische Parameter für den Akquisition-Modus IV:
C-Bogen-CT-Perfusion

Manhart et al. [MAS⁺14] vorgestellt, mit Filtern nachbearbeitet, um die Bildqualität zu verbessern. Eine FDK benötigt für ein 3D-CT-Bild, wie die gefilterte Rückprojektion für eine 2D-CT-Schicht, im Wesentlichen eine Rückprojektionsoperation zur Rekonstruktion des Volumens. Bei iterativen Methoden kommen bei jeder vollständigen Iteration mindestens eine Vor- und Rückprojektion hinzu. Der Zugewinn an Bildqualität steht hier demnach in einem starken Konflikt zur Rechengeschwindigkeit. Die Grundlage des Prototypen, die beispielsweise auch beim Siemens Artis Zeego integriert ist, beruht auf der PSt-FDK-Rekonstruktion. Dadurch ist die Bereitstellung einer vollwertigen C-Bogen basierten CT-Perfusionsbildgebung bislang nur bedingt verfügbar, sodass der *One-Stop-Shop* noch nicht umgesetzt werden konnte (Stand 2018).

4.2. Raum-Zeit-Separationsmodell

Basierend auf Weese und Rose [WR05] wird für alle $j = 1, \dots, N$ die TAC jedes einzelnen Voxels μ_j durch Vorwissensintegration approximiert. Die entsprechende Dynamik wird beim Raum-Zeit-Separationsmodell mit einer Linearkombination $\mu_j(t) \approx \sum_{k'=1}^{K'} w'_{k'j} \cdot f_{k'}^P(t)$ aus Basisfunktionen interpoliert. Dabei transportiert jede Zeile der Vektorfunktion $\mathbf{f}^P(t)$ den jeweiligen Teil des *a priori* Wissens mit $\boldsymbol{\mu}(t) \approx \mathbf{W}' \cdot \mathbf{f}^P(t)$ und $\mathbf{W}' \in \mathbb{R}^{M \times K'}$ in die Rekonstruktion. Das Rekonstruktionsproblem wird also auf die Berechnung der Gewichtungskoeffizientenmatrix $(\mathbf{w}'_1, \dots, \mathbf{w}'_{K'}) =: \mathbf{W}'$ übertragen. Weiter orientieren wir uns am Artikel von Serowy et al. [SSR08] und komprimieren das zu Grunde liegende Vorwissen mit der Hauptkomponentenanalyse. Berechnen wir die PCA mit der Singulärwertzerlegung von

$$\{\mathbf{f}^P(h)\}_{h=1, \dots, H} = \mathbf{U} \boldsymbol{\Sigma} \mathbf{V}^T,$$

so geben nach Serowy et al. [SSR08] die Singulärwerte $\{\sigma_{k'}\}_{k'=1, \dots, K'}$ an, mit welcher Güte die Varianz erklärt wird. Sei $K \leq K'$ dann gibt die Formel

$$\varrho_K := \frac{\sum_{k=1}^K \sigma_k}{\sum_{k'=1}^{K'} \sigma_{k'}} \cdot 100 \quad (4.7)$$

das entsprechende Gütemaß ϱ_K in Prozent an.

Geben wir demnach eine Anzahl K explizit vor, dann können wir nach Serowy et al. [SSR08] jedes ursprüngliche Basiselement $f_{k'}^P$ mit einer Linearkombination der ersten K Zeilen $\{\psi_k(h)\}_{h=1, \dots, H}$ der Matrix \mathbf{U} approximieren.

Nehmen wir darüber hinaus an, dass dies ebenfalls gilt, wenn die Basiselemente kontinuierlich in der Zeitkomponente gelten, dann kann die Anzahl an Elementen reduziert werden, indem die Linearkombination (1.1) durch eine weitere Linearkombination für $j = 1, \dots, M$

$$\mu_j(t) \approx \sum_{k'=1}^{K'} w'_{k'j} \cdot f_{k'}^P(t) \approx \sum_{k=1}^K w_{kj} \cdot \psi_k(t) \quad (4.8)$$

approximiert wird. Setzen wir den Modellansatz (4.8) in das dynamische CT-Problem $\mathbf{b}_{\varphi_h}^h = \mathbf{A}_{\varphi_h} \cdot \boldsymbol{\mu}^h$ ein, dann kann das resultierende modellbasierte CT-System mit

$$\begin{pmatrix} \mathbf{A}_1 \psi_1(1) & \dots & \mathbf{A}_1 \psi_K(1) \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \mathbf{A}_\Pi \psi_1(H) & \dots & \mathbf{A}_\Pi \psi_K(H) \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} \mathbf{w}_1 \\ \vdots \\ \mathbf{w}_K \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mathbf{b}_1^1 \\ \vdots \\ \mathbf{b}_\Pi^H \end{pmatrix} \quad (4.9)$$

beschrieben werden. Es ist schnell ersichtlich, dass das Speichern und Laden dieses System hohe Kapazitäten in Anspruch nehmen kann. Betrachten wir daher für ein $h \in \Omega_H$, beliebig aber fest, ein $\varphi \equiv \varphi_h \in \{1, \dots, \Pi\}$ das φ -te Untersystem, so lässt sich das System (4.9) in die kompaktere Schreibweise

$$\begin{aligned} \mathbf{b}_{\varphi}^h &= (\mathbf{A}_{\varphi} \psi_1(h) \dots \mathbf{A}_{\varphi} \psi_K(h)) \cdot \left((\mathbf{w}_1)^T \dots (\mathbf{w}_K)^T \right)^T \\ &= \mathbf{A}_{\varphi} \sum_{k=1}^K \psi_k(h) \mathbf{w}_k \end{aligned}$$

überführen. Substituieren wir mit $\mathbf{u}_h := \sum_{k=1}^K \psi_k(h) \mathbf{w}_k$ die Linearkombination, dann bekommen wir die einfache Darstellung $\mathbf{b}_{\varphi}^h = \mathbf{A}_{\varphi} \mathbf{u}^h$ für ein Subsystem, das wir mit einem Landweber-Kaczmarz-Schritt

$$\mathbf{u}^h = \mathbf{u}^h + \omega \mathbf{A}_{\varphi}^T (\mathbf{b}_{\varphi}^h - \mathbf{A}_{\varphi} \mathbf{u}^h)$$

iterieren können. Wir setzen die Linearkombination wieder ein

$$\sum_{k=1}^K \psi_k(h) \mathbf{w}_k = \sum_{k=1}^K \psi_k(h) \mathbf{w}_k + \omega \mathbf{A}_{\varphi}^T \left(\mathbf{b}_{\varphi}^h - \mathbf{A}_{\varphi} \sum_{m=1}^K \psi_m(h) \mathbf{w}_m \right) \quad (4.10)$$

und gehen mit $n \in \mathbb{N}_0$, $h_n \equiv (n \bmod H) + 1$ und

$$\varphi_n \equiv \begin{cases} ((n-1) \bmod \Pi) + 1, & \text{für eine Vorwärts-,} \\ (\Pi - (n-1) \bmod \Pi) + 1, & \text{für eine Rückwärts-} \end{cases}$$

Rotation von einem alternierenden C-Bogen-System mit Π Projektionen pro Rotation aus. Durch einen Koeffizientenvergleich in Gleichung (4.10) bezüglich k lässt sich so ein Verfahren mit $\mathbf{u}^{h_n} = \sum_{m=1}^K \psi_m(h_n) \mathbf{w}_m^n$

$$\mathbf{w}_k^{n+1} = \mathbf{w}_k^n + \omega \mathbf{A}_{\varphi_n}^T (\mathbf{b}_{\varphi_n}^{h_n} - \mathbf{A}_{\varphi_n} \mathbf{u}^{h_n}) \quad (4.11)$$

formulieren, dass mit einer Vor- und Rückprojektion pro Subiteration auskommt. Weiter bekommen wir auch einen einfachen Zugriff auf die, in Abschnitt 2.4 erwähnten, Strategien, wie beispielsweise das Schema mit geordneten Subsystemen. Die einfache und deshalb effiziente Positivitätsbedingung der Voxel ist für Gewichtungskoeffizienten leider nicht weiter gültig, da hier auch negative Werte bei der Rekonstruktion der Koeffizienten zulässig sind. Das Verfahren (4.11) wurde in den Beiträgen von Bannasch et al. [BWR15] und Bannasch et al. [BWR16] vorgestellt.

4.3. Die Zeitseparationstechnik

Nehmen wir an, dass eine ideale Basis vorliegt und die Dynamik der Perfusion durch das Raum-Zeit-Separationsmodell zuverlässig abgebildet wird. Zudem wählen wir das Niveau so, dass ein Subsystem der Größe einer Projektion und damit einem Zeitschritt entspricht. Betrachten wir das Verfahren (4.11), dann benötigen wir für eine vollständige Iteration $H = \Pi \cdot R$ Subiterationen. Die Gesamtanzahl an akquirierten Projektionen ist daher maßgeblich für die Rechengeschwindigkeit. Betrachten wir beispielsweise das Perfusions-Protokoll aus Tabelle 4.2, so besteht eine vollständige Iteration unter den genannten Voraussetzungen aus 1330 Subiterationen pro Basiselement. Weiter ist das System (4.9) wegen der zeitlichen Abhängigkeit nicht Strahlen-permutierbar. Das Lösen des Systems (4.9) mit einem Verfahren, das auf der gefilterten Rückprojektion basiert, ist damit nicht ohne Weiteres effizient anwendbar.

Im folgenden werden wir die Zeitseparationstechnik vorstellen, die das dynamische CT-System durch Vorwissen-Integration auf ein statisches Rekonstruktionsproblem ohne Zeitabhängigkeiten in den Projektionen, wie im System (4.9), überträgt.

Hierfür heben wir die Annahme hervor, dass bei dem multiplen Akquisitionsprotokoll jede Rotation exakt die gleiche Folge an Blickwinkeln anfährt. Wir finden also für jeden Röntgenstrahl unter einem festen Blickwinkel α innerhalb einer beliebigen Akquise $R - 1$ weitere Röntgenstrahlen, die zwar dasselbe Detektorelement treffen, jedoch jeweils ein anderes zeitlich verändertes Signal transportieren. Diese Bedingung wollen wir hier *Winkelkonsistenz* nennen.

Gehen wir von einer kontinuierlichen Bestrahlung des Patienten aus beliebig vielen Winkeln aus, dann können wir jedes Detektorelement für $i = 1, \dots, N$ mit dem Raum-Zeit-Separationsmodell

$$\begin{aligned} b_i(t) &= \sum_{j=1}^M a_{ij} \cdot \mu_j(t) \approx \sum_{j=1}^M a_{ij} \cdot \sum_{k=1}^K w_{jk} \cdot \psi_k(t) \\ &= \sum_{k=1}^K \sum_{j=1}^M a_{ij} w_{jk} \cdot \psi_k(t) = \sum_{k=1}^K g_{ik} \cdot \psi_k(t) \end{aligned} \quad (\text{TST-MBPR})$$

approximieren und ist eine Linearkombination im Projektionsraum. Dies wird durch die Interpretation einer Projektion als Linearkombination von Voxeln motiviert, wobei die Gewichtungskoeffizienten durch die, in der Systemmatrix \mathbf{A} enthaltenen, Geometriefaktoren a_{ij} erklärt sind. Wir nutzen also aus, dass durch diesen MBPR-Ansatz eine Projektion eine Linearkombination von Linearkombinationen darstellt, die wiederum zu einer Linearkombination führt. Folglich kann für alle $i \in \{1, \dots, N\}$ die zeitliche Komponente jeder Extinktion durch die Berechnung des \mathcal{L}_2 -Skalarprodukts der orthonormalen Basisfunktionen $\langle \psi_m(t), \psi_k(t) \rangle_{\mathcal{L}_2} := \int_{\Omega} \psi_m(t) \cdot \psi_k(t) dt$ mit

$$\langle \psi_k(t), \psi_m(t) \rangle_{\mathcal{L}_2} = \delta_{km} := \begin{cases} 1, & \text{wenn } k = m, \\ 0, & \text{sonst} \end{cases}$$

separiert werden. Wir können das dynamische CT-System $\mathbf{A} \cdot \mathbf{W} \cdot \boldsymbol{\psi}(t) = \mathbf{b}(t)$ so für alle $m \in \{1, \dots, K\}$ mit

$$\begin{aligned} & \sum_{j=1}^M \int_{\Omega} a_{ij} \cdot \mu_j(t) \cdot \psi_m(t) dt \\ & \stackrel{(\text{TST-MBPR})}{\approx} \sum_{j=1}^M a_{ij} \cdot \sum_{k=1}^K w_{jk} \cdot \underbrace{\int_{\Omega} \psi_k(t) \cdot \psi_m(t) dt}_{\delta_{km}} = \sum_{j=1}^M a_{ij} \cdot w_{jm} \end{aligned} \quad (4.12)$$

auf der linken Seite (4.12) und mit

$$\begin{aligned} & \int_{\Omega} b_i(t) \cdot \psi_m(t) dt \\ & \stackrel{(\text{TST-MBPR})}{\approx} \sum_{k=1}^K g_{ik} \cdot \underbrace{\int_{\Omega} \psi_k(t) \cdot \psi_m(t) dt}_{\delta_{km}} = g_{im}, \end{aligned} \quad (4.13)$$

auf der rechten Seite (4.13) auf das statische CT-System $\mathbf{A} \cdot \mathbf{W} = \mathbf{G}$ projizieren. Es existieren nun keine zeitlichen Abhängigkeiten mehr und wir können für das Gesamtsystem in K unabhängige Minimierungsprobleme $\|\mathbf{A} \cdot \mathbf{w}_m - \mathbf{g}_m\|_2^2 \rightarrow \min$ für alle $m \in \{1, \dots, K\}$ formulieren. Diese Rekonstruktionsaufgaben lassen sich zum einen parallelisieren und zum anderen mit einer beliebigen Rekonstruktionstechnik berechnen. Das heißt, dass auch insbesondere die analytischen Verfahren anwendbar sind.

Um aus dem multiplen Akquisitionsprotokoll Zeit-kontinuierliche CT-Projektionen generieren zu können, müssen die Daten in einer geeigneten Reihenfolge interpoliert werden. Aus diesem Grund muss die Bedingung der Winkelkonsistenz erfüllt sein. Denn dann gibt es für jedes φ innerhalb einer Rotation, beliebig aber fest, R temporale Stützstellen zur Interpolation.

Ein typisches multiples C-Bogen-Perfusionsprotokoll liefert bei zehn Rotationen mit jeweils 166 Projektionen $R = 10$ Stützstellen für eine maximale zeitliche Auflösung von $H = 1660$. Die Interpolation an sich wird hier durch Verwendung von Splines realisiert. Hierzu muss jedoch eine Rotationsrichtung umgekehrt werden. In unserem Fall sortieren wir die Blickwinkel der Rückwärts-Rotation von hinten nach vorne um, sodass die Reihenfolge der Blickwinkel mit denen einer Vorwärts-Rotation übereinstimmen. Anschließend kann das Skalarprodukt durch eine geeignete Quadraturformel numerisch berechnet werden.

Bemerkung Nach der Interpolation der Projektionen kann das System wieder diskretisiert werden. Wir können so einen Projektionsdatensatz $\mathbf{B}_h := \{\mathbf{b}(h)\}_{h=1, \dots, H}$ generieren und eine adäquate Basis $\boldsymbol{\Psi}_h := \{\boldsymbol{\psi}(h)\}_{h=1, \dots, H}$ wählen, um ein System $\mathbf{A} \cdot \mathbf{W} \cdot \boldsymbol{\Psi}_h = \mathbf{B}_h$ mit einer höheren zeitlichen Abtastung zu erzeugen. Wir tasten das interpolierte System

dabei so hoch ab, dass die Orthogonalität der Basis mit $\Psi_h \cdot \Psi_h^T = \mathbf{I}$ *rechtsseitig* erhalten bleibt. Wir können dann die zeitliche Separation über $\Psi_h \in \mathbb{R}^{K \times H}$ mit der Moore-Penrose-Pseudoinversen $\Psi_h^- := \Psi_h^T (\Psi_h \cdot \Psi_h^T)^{-1} = \Psi_h^T$ umsetzen. Denn dies führt zum Tensorprodukt in der Zeit

$$(\mathbf{A} \cdot \mathbf{W} \cdot \Psi_h) \Psi_h^- = \mathbf{A} \cdot \mathbf{W} (\Psi_h \cdot \Psi_h^T) = \mathbf{A} \cdot \mathbf{W}$$

auf der linken Seite des Systems und

$$\mathbf{B}_h \cdot \Psi_h^- = \mathbf{B}_h \cdot \Psi_h^T := \mathbf{G}$$

auf der rechten Seite, das auf dem \mathcal{L}_2 -Skalarprodukt basiert.

□

Serowy et al. [SSR08] zeigten dabei, dass die Vorwissen-Integration, in Form einer orthonormalen Basis (ONB), die Kondition des Raum-Zeit-Separationsmodells im Verhältnis zur nativen modellbasierten Form verbessert. Wir nutzen die Orthonormalität hier weiter aus, um das hochdimensionale MBPR-Problem auf K kleinere voneinander unabhängige CT-Rekonstruktionsprobleme zu übertragen.

Bemerkung Bei Simulationsstudien können wir mit $k, m = 1, \dots, K$ für alle Voxel $j \in \{1, \dots, M\}$ die Formel

$$\begin{aligned} \langle \mu_j(t), \psi_m(t) \rangle_{\psi(t)} &\stackrel{(\text{TST-MBPR})}{\approx} \langle \sum_{k=1}^K w_{jk} \psi_k(t), \psi_m(t) \rangle_{\psi(t)} \\ &= \sum_{k=1}^K w_{jk} \langle \psi_k(t), \psi_m(t) \rangle_{\psi(t)} \\ &= \sum_{k=1}^K w_{jk} \delta_{km} \psi(t) = \mathbf{W} \cdot \psi(t) \stackrel{(\text{TST-MBPR})}{\approx} \boldsymbol{\mu}(t) \quad (4.14) \end{aligned}$$

finden, mit der wir ein Maß zur Evaluation der zugrundeliegenden ONB erhalten. □

Numerische Resultate (Teil I)

Im ersten Experiment untersuchen wir zum einen die Effizienz der TST im Vergleich zum iterativen MBPR-Verfahren (4.11), indem wir ein dynamisches $2D$ CT-Bild simulieren und rekonstruieren. Zum anderen untersuchen wir die TST auf die prinzipielle Durchführbarkeit, wobei wir mit einem niedrigen Grad an Komplexität starten wollen. Wir verwenden das Shepp-Logan-Phantom als Vorlage und überlagern es mit drei verschiedenen dynamischen Bereichen (siehe Abbildung 4.5). Wir nehmen eine ideale Maske an, sodass sich das Rekonstruktionsproblem ausschließlich auf die dynamischen Regionen konzentriert. Die Projektionen simulieren wir, wie in Tabelle 4.3 beschrieben, nach dem Vorbild eines vereinfachten multiplen C-Bogen-Perfusionsprotokoll. Das Abtastmuster ist alternierend, jedoch verzichten wir hier auf die Auslese-Pause zwischen den Rotationen. Das dynamische Sino-gramm in Abbildung 4.5 bekommt dadurch eine unstetige Struktur, da wir die Reihenfolge der Projektionen der Rückwärts-Rotationen für die Interpolation entsprechend umsortiert

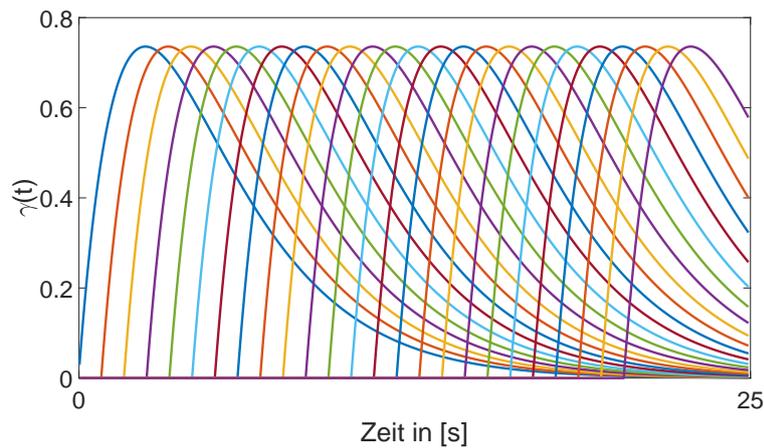
Technische Parameter	Werte
Winkel-Inkrement	$\sim 1,5^\circ$
Winkelbereich pro Rotation	200°
Quelle-zu-Detektor-Distanz	1200mm
Quelle-zu-Isocenter-Distanz	750mm
Detektorpixelgröße	0,616mm
Anzahl der Detektorpixel	616
Anzahl der Projektionen	133
Volumenauflösung (dSL-Phantom)	64×64
Volumengröße	$\sim (71,2 \times 71,2)\text{mm}^2$
Bildgebung	Fächerstrahlen-CT
Anzahl an Rotationen	10 + Maske
Zeit pro Rotation	$\sim 2,5\text{s}$
Auslese-Pause	Keine
ONB	Gamma-variate

Tabelle 4.3.: Technische Parameter für den Akquisition-Modus V:
C-Bogen-CT-Perfusion

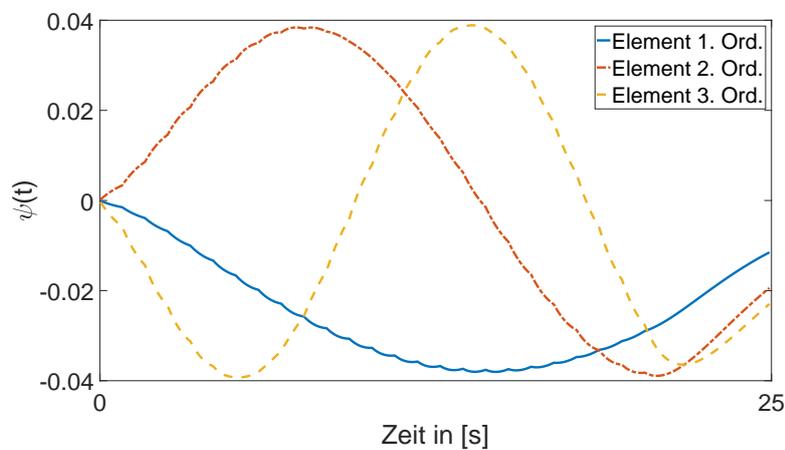
haben. Sowohl die im Phantom integrierten Dynamiken in Abbildung 4.5, als auch die Gamma-variate Basis in Abbildung 4.4 sind Variationen der Funktion

$$\begin{aligned}\gamma(\beta, \eta; t) &:= \frac{1}{2} (h(\beta, \eta; t) + |h(\beta, \eta; t)|), \\ h(\beta, \eta; t) &:= \frac{\eta^\beta}{\Gamma(\eta)} \cdot t^{\beta-1} \exp(-\beta \cdot t).\end{aligned}\tag{1.2}$$

Die ONB in Abbildung 4.4 mit drei Elementen kann nach der Formel (4.7) $\sim 54\%$ der totalen Varianz die ursprüngliche Basis mit 25 Elementen reproduzieren. Mit dieser ONB wollen wir das dynamische Phantom modellbasiert rekonstruieren. Das heißt, dass wir entsprechend der Gewichtungskoeffizienten drei statische Volumina berechnen müssen.



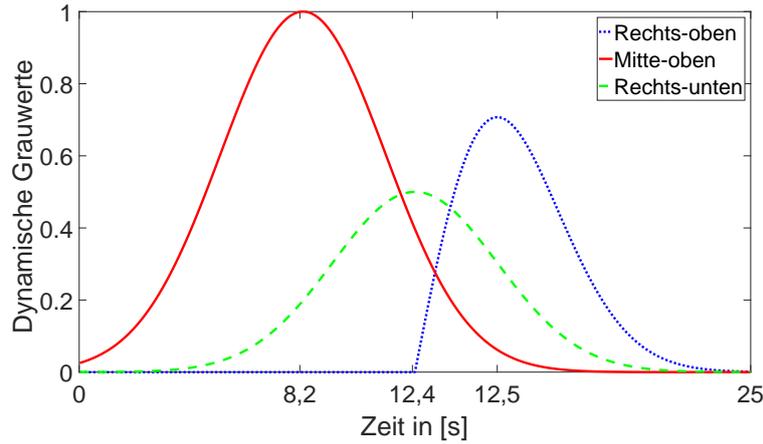
(a) Gamma-variate Funktionenschar als Basis mit 25 Elementen zur Vorwissens-Integration



(b) Orthonormal-Basis erzeugt aus 25 Gamma-varianten Funktionen

Abbildung 4.4.: Gamma-variate Basisfunktionen (Bilder entstammen dem Artikel Banasch et al. [BFP⁺18]):

Mit der Hauptkomponentenanalyse werden 25 Vorwissens-Elementen zu 3 orthonormalen Elementen komprimiert, sodass die reduzierte Basis orthogonal ist.



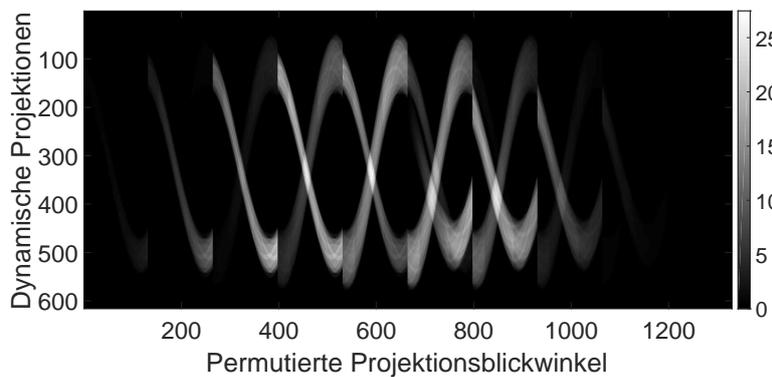
(a) Dynamik der drei Grauwertbereiche nach Abzug der Masken.



(b) Dynamische Sheep-Logan Phantom $\sim 8,2$ s. Rot-durchgezogene Kurve nimmt ihr Maximum an.

(c) Dynamische Sheep-Logan Phantom $\sim 12,4$ s. Grüngestrichelte Kurve nimmt ihr Maximum an.

(d) Dynamische Sheep-Logan Phantom $\sim 15,5$ s. Blaugepunktete Kurve nimmt ihr Maximum an.

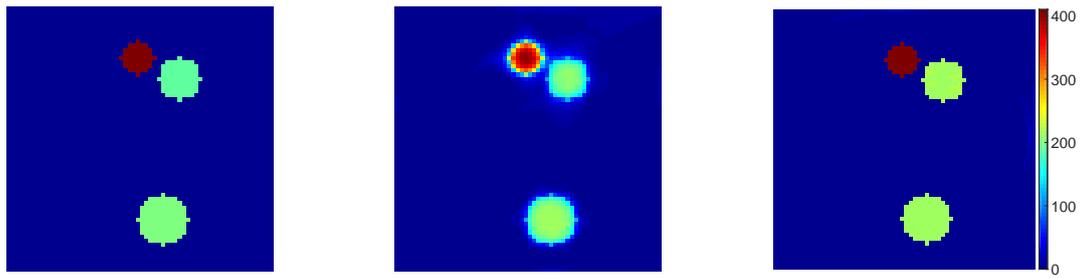


(e) Dynamisches Sinogramm

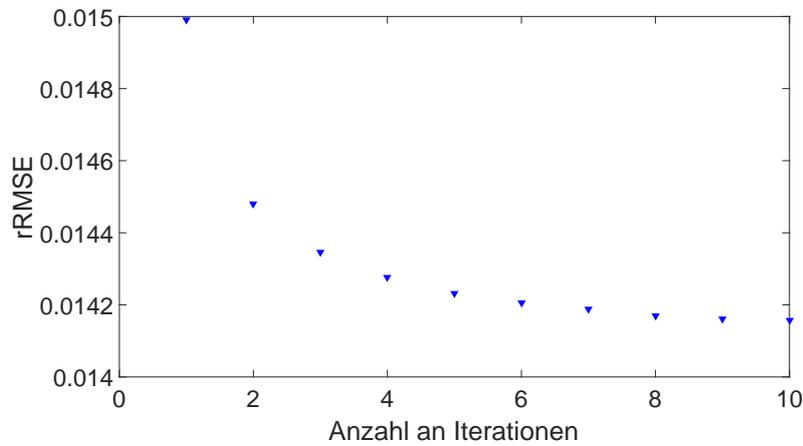
Abbildung 4.5.: Dynamisches Sheep-Logan Phantom (Das Phantom (dSL) wurde innerhalb einer Kooperation zusammen mit Dr. Sylvia Saalfeld erstellt) und das dynamische Sinogramm:

Das Sheep-Logan-Phantom wurde mit drei dynamischen Bereichen überlagert. Die drei ausgewählten Zeitpunkte zeigen die Regionen mit dem höchsten Grauwert bezüglich einer der drei Kurven.

Die Dynamik ist ebenfalls im Sinogramm durch die zeitliche Veränderung der Grauwerte erkennbar. Die Maske wurde im Vorfeld von den Daten abgezogen.



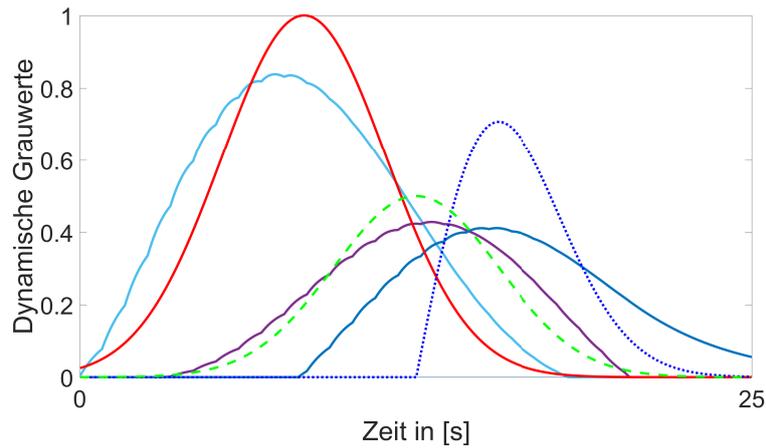
(a) CBV vom originalen dynamischen Sheep-Logan Phantom. (b) CBV vom MBPR dynamischen Sheep-Logan Phantom nach 100 Iterationen. (c) CBV vom MBPR-TST dynamischen Sheep-Logan Phantom nach 10 Iterationen.



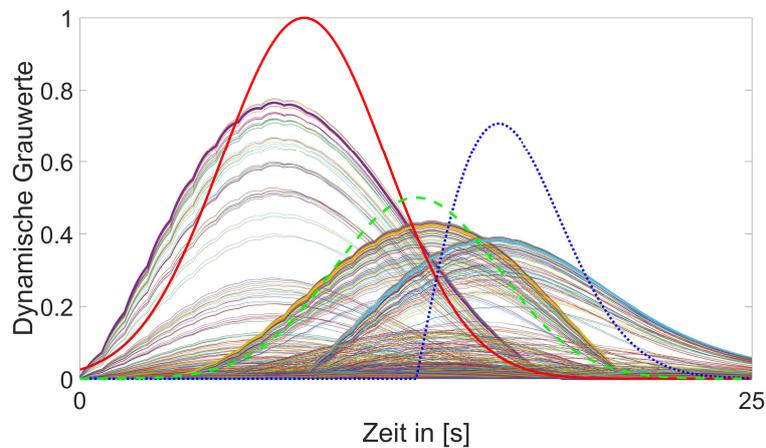
(d) Mittlerer rRMSE := $\frac{\|\mu_{\text{Rek}}(t) - \mu_{\text{dSL}}(t)\|}{M}$ aller Kurven bei der iterativen MBPR-TST.

Abbildung 4.6.: CBV der modellbasierten Rekonstruktion des dynamischen Sheep-Logan-Phantoms:

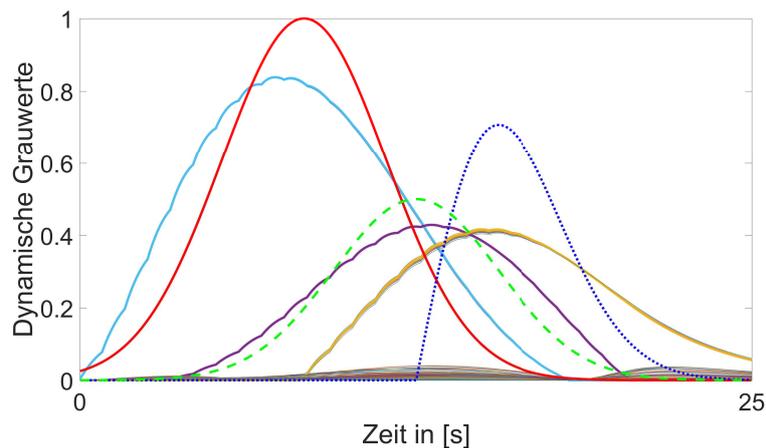
Für eine zweidimensionale Darstellung wählen wir hier eine nicht-normalisierte CBV. Das heißt, dass wir das Integral jeder einzelnen Kurve berechnet und anschließend die Werte den entsprechenden Voxeln zugeordnet haben. In dieser Simulation gibt es keinen arteriellen Eingang (AIF), sodass eine Normierung über dem Integral der AIF nicht möglich war. Weiter wird hier die Konvergenz der TST gezeigt. Die Rekonstruktion der Koeffizienten wurde mit dem Landweber-Kaczmarz-Verfahren berechnet und der Rekonstruktions-Fehler nach einer vollständigen Iteration in der Grafik abgetragen.



(a) Dynamische Grauwerte vom originalen dynamischen Sheep-Logan-Phantom.



(b) Dynamische Grauwerte vom MBPR dynamischen Sheep-Logan-Phantom nach 100 Iterationen.



(c) Dynamische Grauwerte vom MBPR-TST dynamischen Sheep-Logan Phantom nach 10 Iterationen.

Abbildung 4.7.: Dynamische Grauwerte der modellbasierten Rekonstruktion des dynamischen Sheep-Logan-Phantoms:

Eine direkte Evaluation ist wegen des noch verhältnismäßig geringen Komplexitätsgrades auch möglich, indem wir alle rekonstruierten Kurven in einer Grafik illustriert. Zur Orientierung wurden die originalen drei Dynamiken mit hinzugefügt.

Verfahren	P	Anz. Iter.	Zeit pro Iter.	Anz. Subiter.	$\frac{\ \mu_{\text{dSL}}(t) - \mu_{\text{Rek}}(t)\ _2}{M}$
MBPR (4.11)	616	1000	82,9s	1330	$4,24 \cdot 10^{-2}$
TST	616	10	4,0s	$3 \cdot 133$	$1,42 \cdot 10^{-2}$

Tabelle 4.4.: Vergleich der TST mit dem iterativen Verfahren (4.11) in der Performanz

Die zeitliche Auflösung ist mit 1330 Abtastpunkten maximal gewählt und hinreichend hoch, sodass wir das optimale Resultat eines MBPR-Verfahrens mit der Formel (4.14) durch

$$\langle \mu(t), \psi(t) \rangle \approx \langle (\mathbf{W} \cdot \Psi_h), \Psi_h \rangle \Psi_h = \mathbf{W}(\Psi_h \cdot \Psi_h^T) \Psi_h = \mathbf{W} \cdot \Psi_h \approx \mu(t)$$

approximieren können. Unabhängig von der verwendeten MBPR-Technik gehen wir davon aus, dass die höchste Genauigkeit des Raum-Zeit-Separationsmodells in dieser Simulationsstudie mit dem Ergebnis erreicht werden kann, welches in Abbildung 4.7, illustriert wird. Weiter sehen wir in Abbildung 4.7 das Ergebnis mit einer iterativen MBPR mit dem Verfahren 4.11 nach 1000 vollständigen Iterationen und das Resultat nach einer TST-Rekonstruktion. In Tabelle 4.4 vergleichen wir die TST mit dem iterativen MBPR-Verfahren (4.11). Dabei wurde das Verfahren 4.11 nach 1000 Iterationen abgebrochen, obwohl das Verfahren potenziell eine höhere Genauigkeit erreichen kann. Bei der TST haben wir für einen direkten Vergleich ein Landweber-Kaczmarz-Verfahren verwendet. Beide Iterationen haben wir über den betragsgrößten Eigenwert relaxiert und verwenden eine zufällige Reihenfolge der Subsysteme für eine vollständige Iteration.

Diskussion

Diese erste numerische Simulation zeigt uns zunächst das Potential der TST, die systematische Komplexität durch die TST-MBPR im Vergleich zum Gesamtsystem (4.9) deutlich zu verringern. Es handelt sich bei diesem Experiment um eine simplifizierte dynamische CT-Rekonstruktionsaufgabe, die die Realität äußerst abstrakt wiedergibt. Abgesehen von der Morphologie des menschlichen Gehirns, stellen insbesondere die integrierten Dynamiken eine starke Vereinfachung dar. Sie beschränken sich auf die jeweiligen Regionen und haben bis auf die Struktur der Kurven keinen echten Zusammenhang. Die Simulation hat trotzdem den Vorteil, dass eine direkte Evaluation zwischen den zwei ausgewählten Verfahren mit dem gleichen Raum-Zeit-Separationsmodell schnell zugänglich gemacht wird.

Quantitativ bemerken wir anhand Tabelle 4.4, dass die TST nach zehn vollständigen Iterationen einen weitaus kleineren Fehler liefert als das MBPR-Verfahren (4.11). Eine TST-Iteration besteht zwar aus drei verschiedenen Rekonstruktionsaufgaben, jedoch sind diese komplett unabhängig voneinander und daher effizient parallelisierbar. Angenommen es sei keine Parallelisierung möglich, dann würde eine Iteration aus $3 \cdot 133 = 399$ Subiterationen beziehungsweise -systemen bestehen. Die einer MBPR (4.11) enthält im Vergleich 1330, sodass die Rechenkomplexität auch in diesem Fall wesentlich höher ist, als bei der TST. Ein Gleichstand würde erst mit einer Basis bestehend aus 10 Elementen eintreten.

Die qualitative Analyse mit der Abbildung 4.6 und 4.7 bestätigt die quantitativen Aussagen. Die Charakteristiken der rekonstruierten Kurven in Abbildung 4.7 stimmen mit denen überein, die wir mit der Formel (4.14) erwarten. Mit der Illustration aller Kurven wird die Konvergenz ersichtlich, da sich die TACs zu der idealen MBPR konvergieren. Während die TST nach 10 Iterationen schon fertig zu sein scheint, deutet das Verfahren (4.11) zwar Konvergenz an, die jedoch nach 1000 Iterationen noch nicht sein Optimum erreicht hat.

Abbildung 4.6 bestätigt dabei, dass die Kurven in den richtigen Regionen rekonstruiert werden. Es zeigt jedoch, dass das Verfahren (4.11) ebenfalls konvergiert und, abgesehen von der Rechenzeit, ein brauchbares Ergebnis generiert. Insbesondere, da die noch nicht vollständig konvergierten TACs im Außenraum der dynamischen Regionen angesiedelt sind,

Technische Parameter	Werte
Winkel-Inkrement	$\sim 1,2^\circ$
Winkelbereich pro Rotation	200°
Quelle-zu-Detektor-Distanz	1200mm
Quelle-zu-Isocenter-Distanz	750mm
Detektorpixelgröße	$(0,616 \times 0,616)\text{mm}^2$
Anzahl der Detektorpixel	616×480
Anzahl der Projektionen	166
Volumenauflösung (DBP-Phantom)	$256 \times 256 \times 256$
Volumengröße	$(230 \times 230 \times 179)\text{mm}^3$
Bildgebung	Kegelstrahlen-CT
Anzahl an Rotationen	10 + Maske
Zeit pro Rotation	$\sim 3,0\text{s}$
Auslese-Pause	$\sim 1,0\text{s}$
ONB	Ideales Vorwissen
Akquisitionsdauer	39,0s

Tabelle 4.5.: Technische Parameter für den Akquisition-Modus VI:
C-Bogen-CT-Perfusion

sind die Dynamiken in Abbildung 4.6 erkennbar und im Vergleich zum Original und zur TST-MBPR ebenfalls quantifizierbar.

Maßgeblich ist jedoch die Rechenzeit, weshalb wir für die weiteren Simulationen die TST für eine modellbasierte Rekonstruktion verwenden werden.

Bemerkung Bei genauerer Betrachtung der ONB in Abbildung 4.4, sehen wir eine geriffelte Struktur der Kurven. Ursache sind die nicht differenzierbaren Nullstellen der einzelnen Elemente, die mit der PCA in die ONB übertragen werden. Diese können zwar leicht vermieden werden, was wir aber bewusst nicht gemacht haben. Denn wir können durch diese Struktur in Abbildung 4.7 schnell nachvollziehen, dass sich die Informationen der Basis direkt auf die MBPR übertragen. Somit können wir vermuten, dass sich die Güte der MBPR verbessert, wenn die Basis den Patienten genauer abbilden kann. Für die Basis in Abbildung 4.4 haben wir uns am Artikel von Neukrichen et al. [NGW10] orientiert. MBPR-Untersuchungen in parallelen Projekten mit ONBs ohne eine echte Vorwissensintegration -vorwiegend Polynom-Basen wie beispielsweise Legendre-Polynome- zeigten ungenügende Ergebnisse und wurden daher auch nicht publiziert. \square

Numerische Resultate (Teil II.1)

Um eine genauere Simulation einer realen C-Bogen-basierten CBCT-Perfusionsmessung zu erreichen, orientieren wir uns nun an den technischen Parametern in Tabelle 4.5 und greifen wieder auf die Software TIGRe zurück. Für die Simulation verwenden wir ein Niveau $616 \cdot 480$ und tauschen das Subsystem mit dem größten Winkelabstand (also maximal 90°) aus. Das DBP-Phantom (ohne Schädelknochen) liegt nicht mehr statisch vor, sondern simuliert nun Perfusion, wobei die Dynamiken auf klinischen Daten beruhen. Medizinisch noch unrealistisch werden zunächst zwei voneinander getrennte Defizite im DBP integriert, was zur Vereinfachung des Experiments dienen soll. Davon ist eines ein großer Schlaganfall-Kern und das andere die sogenannte *Penumbra*, die potenziell noch behandelbar ist. Um die TST unabhängig von den in Kapitel 3 optimierten Methoden zu testen, verwenden wir hier

Karte	Berechnungsformel (org.) ^a	Berechnungsformel (MBPR-Formel (4.14)) ^a
CBF ^b	$\frac{1}{\rho} \frac{\ \dot{\mu}_j(t)\ _\infty}{\ \mu_{\max}(t)\ _\infty}$	$\frac{1}{\rho} \frac{\ \{\mathbf{W} \cdot \frac{d}{dt} \psi(t)\}_j\ _\infty}{\ \{\mathbf{W} \cdot \psi(t)\}_{\max}\ _\infty}$
CBV ^a	$\frac{1}{\rho} \frac{\int_0^T \mu_j(\tau) d\tau}{\int_0^T \mu_{\max}(\tau) d\tau}$	$\frac{1}{\rho} \frac{\int_0^T \{\mathbf{W} \cdot \psi(\tau)\}_j d\tau}{\int_0^T \{\mathbf{W} \cdot \psi(\tau)\}_{\max} d\tau}$
MTT ^c	$\frac{\text{CBV}_j}{\text{CBF}_j}$	$\frac{\text{CBV}_j}{\text{CBF}_j}$
TTP	$\arg_t \ \mu_j(t)\ _\infty$	$\arg_t \ \{\mathbf{W} \cdot \psi(t)\}_j\ _\infty$

Tabelle 4.6.: Medizinische Parameter II

^afür den j -ten Voxel

^bHier bezeichnet ρ die Gewebedichte.

^cDiese Formel ist auch als *zentrales Volumen-Theorem* bekannt und wird im Artikel von Konstas et al. [KGLL09] erklärt.

die von TIGRe bereitgestellten Verfahren an. Wir vergleichen die TST-Rekonstruktionen einer SART als iteratives Verfahren mit der FDK als analytisches Verfahren. Als Referenz-Verfahren zur TST verwenden wir den PSt-Ansatz, wobei wir zur Nachverarbeitung den von Matlab bereitgestellten (3×3) -Median-Filter für jede z -Schicht einsetzen. Diesen benutzen wir ebenfalls für die TST-Rekonstruktionen. Wir werden ihn stets auf die jeweiligen 3D-Perfusionskarten anwenden. Der PSt-Ansatz stellt zwar das simpelste unter den aufgezählten Methoden dar, ist jedoch im Wesentlichen das Verfahren, was momentan als C-Bogen-CT-Perfusion-Prototyp verwendet wird (Stand 2018). Die Bildgenauigkeit wird, wie in [MAS⁺14] beschrieben, durch Nachverarbeitungen versucht zu steigern. Darüber hinaus werden Protokolle wie in Tabelle 4.5 definiert, die auf die PSt abgestimmt sind.

Bemerkung In der aktuellen Version von TIGRe sind keine Parker-Gewichte enthalten (Stand 2018). Diese wurden zusammen mit dem TIGRe-Entwickler Dr. Ander Biguri für diese Simulationsstudie nachträglich implementiert. Die Bereitstellung einer hinreichend akkuraten FDK war darüber hinaus der maßgebliche Punkt, warum man sich für TIGRe entschieden hat.

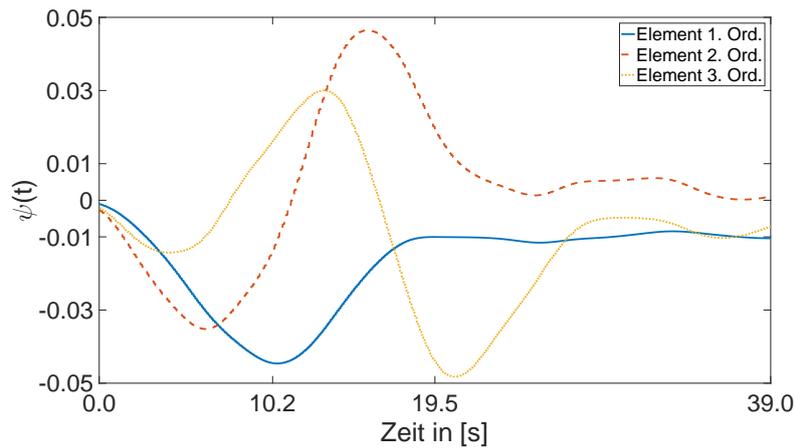
Aufgrund der höchsten Strahlendichte untersuchen wir in diesem Abschnitt im Wesentlichen die zentrale CT-Schicht, da wir dort sowohl die genaueste FDK-rekonstruierte 2D-Schicht als auch PSt erwarten. \square

Die numerische Interpolation für die PSt-Rekonstruktion und für die Projektionen wird mit (kubischen) Akima-Splines, vorgestellt im Artikel von Akima [Aki91], berechnet. Die Berechnung des \mathcal{L}_2 -Skalarprodukts für das TST-Tensorprodukt erfolgt mit Hilfe eines separaten Programms, das zusammen mit Robert Frysch in der Programmiersprache *C++* für dieses Projekt erstellt wurde. Für die FDK-Rekonstruktion wurde der Ram-Lak-Filter entsprechend Gleichung (2.40) verwendet.

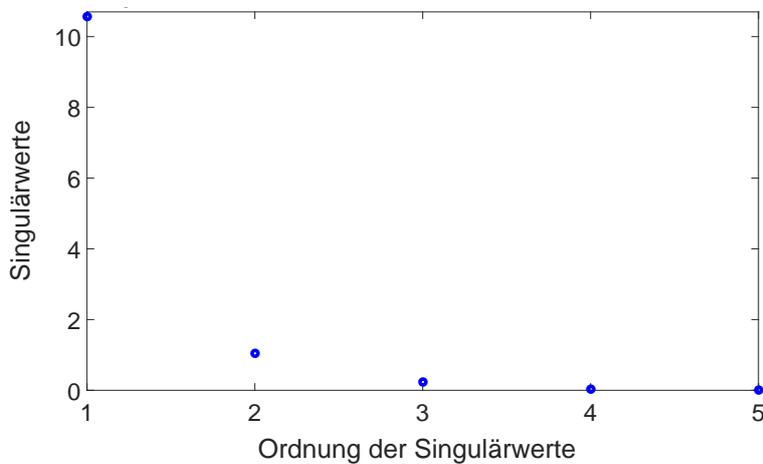
Die temporale Abtastung des dynamischen Phantoms beträgt 2254 Zeitschritte, was 10 Rotationen mit 166 Projektionen und 9 Pausen mit 66 Zeitschritten entspricht. Die Perfusionskarten wurden nach den Formeln in Tabelle 4.6 mit einer zeitlichen Diskretisierung berechnet, die in etwa einer Sekunde entspricht. Die MBPR-angepassten Formeln liefern eine stabile Berechnung der Perfusionskarten und wurden im Beitrag von Bannasch et al [BWR17b] vorgestellt. Während der De-Konvolutionsansatz von Fieselman et al. [FKG⁺11] eine Tikhonov-Regularisierung benötigt, lassen sich mit dem MBPR-Ansatz die instabilen Operationen, wie beispielsweise die numerische Differenzierung, auf die Elemente der ONB übertragen.

Um uns auch weiter von den Schwächen des Raum-Zeit-Separationsmodells zu distanzieren, geben wir eine ideale Basis vor, die in Abbildung 4.8 gezeigt wird. Diese ONB wurde direkt aus den Dynamiken der zentralen Schicht des Phantoms erstellt. Das bedeutet, dass

wir die TACs aus dem DBP ausgelesen und anschließend mit der PCA zu einem Basissatz komprimiert haben. Diese ONB deckt mit nur drei Elementen nach der Formel (4.7) $\sim 99\%$ der totalen Varianz der simulierten Perfusion ab, sodass potenzielle Ungenauigkeiten nicht auf den MBPR-Ansatz zurück geführt werden können. Darüber hinaus liegt hier eine ideale Maske vor, sodass der Fokus vollständig auf der Konsistenzüberprüfung der TST liegen kann. Das heißt, dass Vorverarbeitungsschritte wie eine Bildregistrierung oder dergleichen nicht beachtet werden müssen. Der Fokus in diesem Teil unserer Simulationsstudie liegt weiterhin auf dem *Proof of Concept*, der prinzipiellen Durchführbarkeit der TST. Denn unter konsistenten Voraussetzungen sollte das Verfahren das Potential besitzen, optimale Ergebnisse erzielen zu können.



(a) Elemente der ONB



(b) Die ersten fünf Singulärwerte aus der PCA

Abbildung 4.8.: Ideale ONB generiert aus den Dynamiken des DBPs (Bilder entstammen dem Artikel Bannasch et al. [BFP⁺18]):

Die drei Elemente der ONB korrespondieren zu den drei größten Singulärwerten der PCA. Der größte Singulärwert entspricht dem Element erster Ordnung, der zweitgrößte dem zweiter Ordnung etc., wobei mit jeder weiteren Ordnung eine wesentliche Oszillation hinzukommt. Nach der Formel (4.7) wird mit dieser ONB $\sim 99\%$ der totalen Varianz der Dynamiken durch die ONB erklärt.

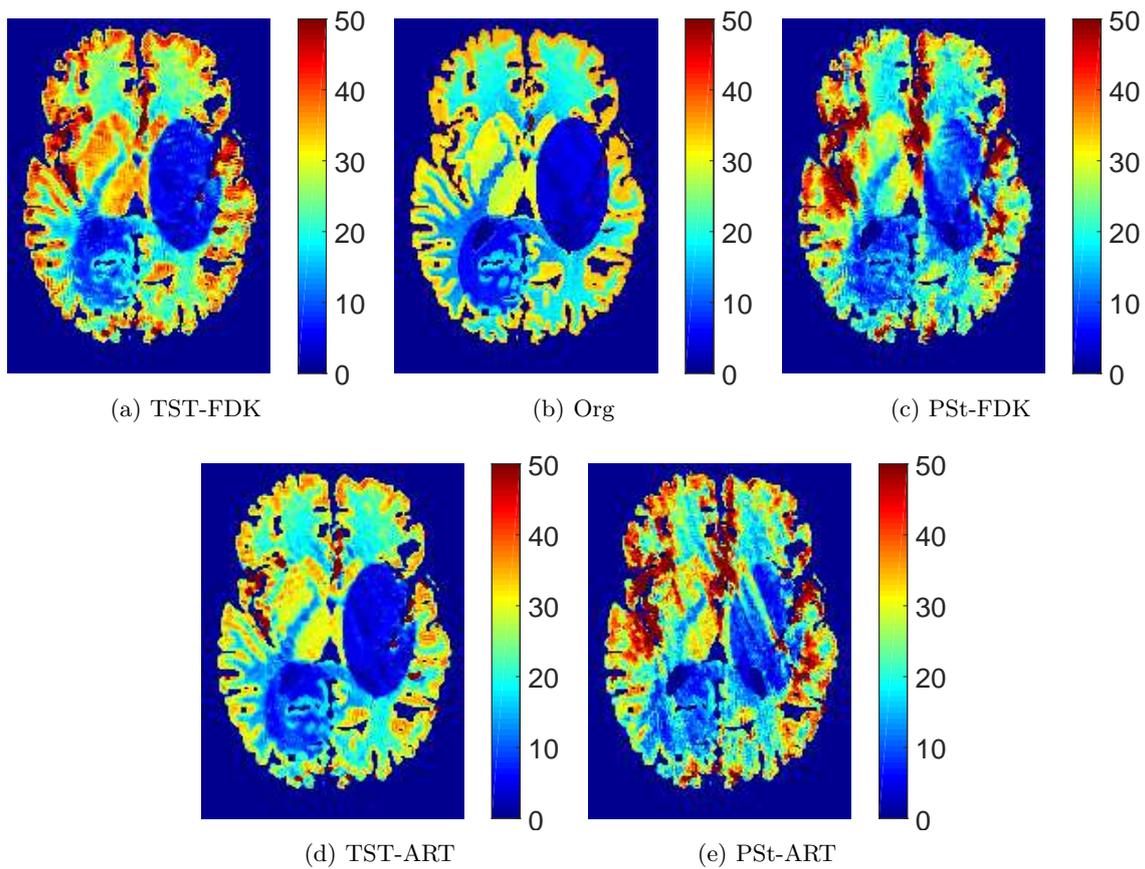
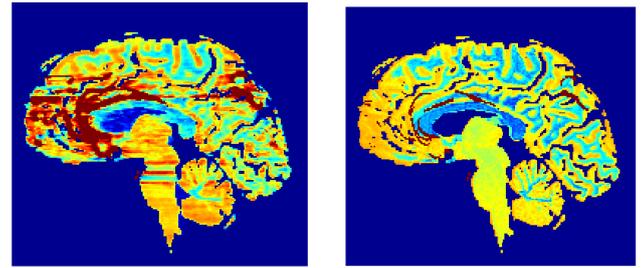
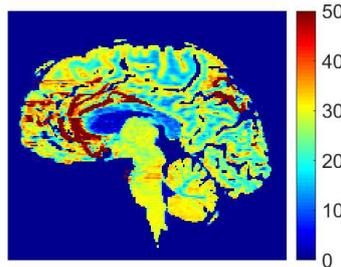


Abbildung 4.9.: Vergleich zwischen TST und PSt (CBF) (Bilder entstammen dem Artikel Bannasch et al. [BFP⁺18]):

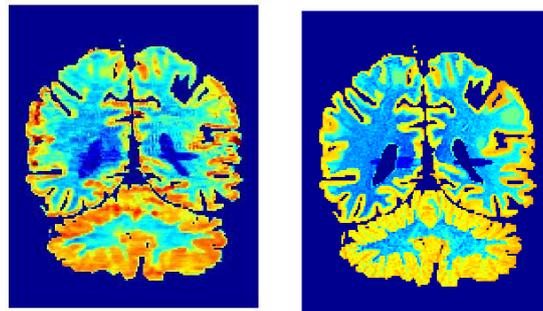
Wir vergleichen die Rekonstruktionen einer CBF in $\left[\frac{\text{ml}}{100\text{g}\cdot\text{min}}\right]$. Neben TST und PSt wird hier auch die Auswirkung der ART und FDK auf die Rekonstruktionsgenauigkeit illustriert. Weitere Perfusionskarten finden wir im Anhang A.4.



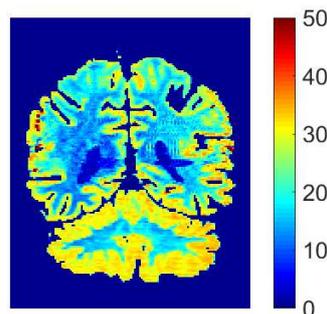
(a) Sagittalebene der TST-FDK (b) Sagittalebene des Originals



(c) Sagittalebene der TST-ART



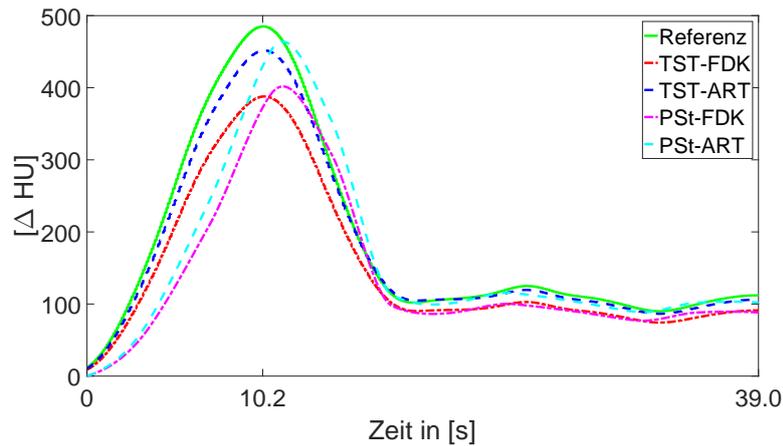
(d) Koronalebene der TST-FDK (e) Koronalebene des Originals



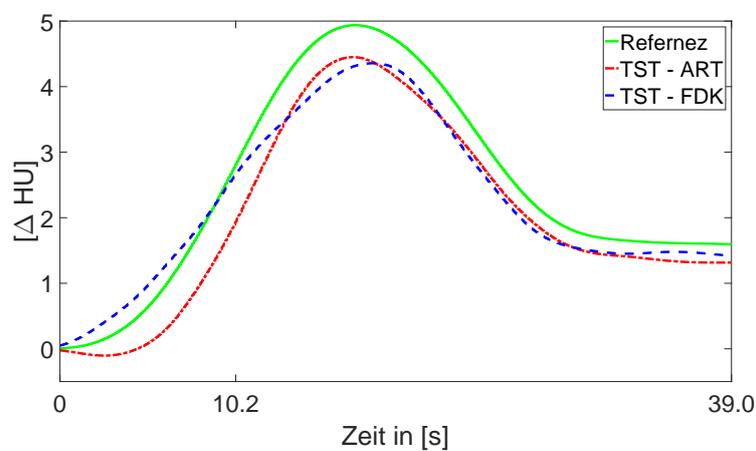
(f) Koronalebene der TST-ART

Abbildung 4.10.: Weitere Illustration der TST (CBF) in sagittaler und koronaler Perspektive (Bilder der Koronalebene entstammen dem Artikel Bannasch et al. [BFP⁺18]):

Für eine bessere Vorstellung zeigen wir hier wiederholt die CBF in $\left[\frac{\text{ml}}{100\text{g}\cdot\text{min}}\right]$, wie in Abbildung 4.9, jedoch sehen wir die zentrale Sagittal- beziehungsweise Koronalebene der Rekonstruktionen. Wir sehen hier insbesondere den qualitativen Unterschied zwischen TST-ART und TST-FDK.



(a) Dynamische Grauwerte der arteriellen Eingangs-Funktion (AIF)



(b) Dynamische Grauwerte eines Penumbra-Voxels.

Abbildung 4.11.: Dynamische Grauwerte spezieller Voxel (Bilder entstammen dem Artikel Bannasch et al. [BFP⁺18]):

Wir sehen hier die AIF und eine ausgewählte Kurve der Penumbra. Aufgrund des Maskenabzugs werden die Grauwerte hier in ΔHU gezeigt.

Technische Parameter	Werte
Winkel-Inkrement	$\sim 1,2^\circ$
Winkelbereich pro Rotation	200°
Quelle-zu-Detektor-Distanz	1200mm
Quelle-zu-Isocenter-Distanz	750mm
Detektorpixelgröße	$(0,616 \times 0,616)\text{mm}^2$
Anzahl der Detektorpixel	616×480
Anzahl der Projektionen	166
Volumenauflösung (DBP-Phantom)	$256 \times 256 \times 256$
Volumengröße	$(230 \times 230 \times 179)\text{mm}^3$
Bildgebung	Kegelstrahlen-CT
Anzahl an Rotationen	6 + Maske
Zeit pro Rotation	$\sim 5,0\text{s}$
Auslese-Pause	$\sim 1,6\text{s}$
ONB	Gamma-variate
Akquisitionsdauer	39,0s

Tabelle 4.7.: Technische Parameter für den Akquisition-Modus VII:
C-Bogen-CT-Perfusion

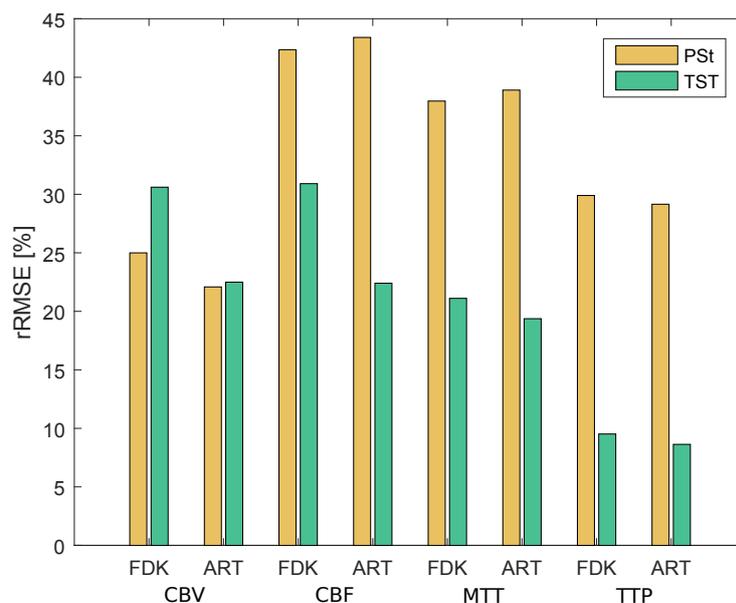
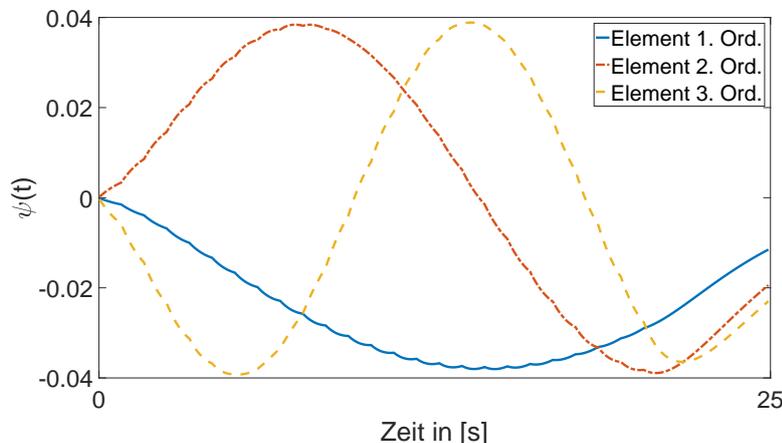


Abbildung 4.12.: Relativer Fehler (rRMSE) aller Perfusionskarten mit dem Akquisition-Modus VI (Bilder entstammen dem Artikel Bannasch et al. [BFP⁺18]): Der rRMSE wurde aus Voxeln der zentralen Schicht berechnet. Dabei wurden lediglich die nicht-trivialen Voxeln berücksichtigt. Das heißt, dass beispielsweise Luft nicht mit einbezogen wurde.

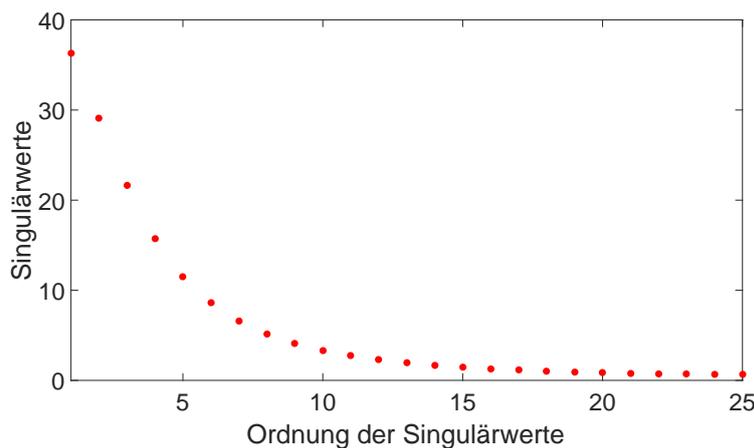
Numerische Resultate (Teil II.2)

In diesem Modus wird die Akquisition auf 1326 Abtastschritte reduziert. Im Vergleich zu 2254 Zeitschritten im Modus VI entspricht dies 60% der Datenmenge. Wie im multiplen Akquisitionsprotokoll vom Modus VI wird hier auch alternierende C-Bogen-Trajektorie gewählt. Zu den Projektionen des DBP-Gehirns fügen wir weiter Poisson-verteiltes Photonrauschen sowie elektronisches Gauß'sches Rauschen hinzu. Für die Quelle verwenden

wir hier nicht die Voreinstellung von TIGRe, sondern simulieren zunächst einmal eine Eingangintensität \mathcal{I}_0 mit einer durchschnittlichen Photonenzahl von $\mathcal{N}_0 = 2,1 \cdot 10^5$ und orientieren uns stärker am Angiographie-System Artis Zeego. Die Gauß'sche Normalverteilung zentrieren wir mit dem Erwartungswert 0 und setzen die Standardabweichung auf 10.



(a) Orthonormal-Basis erzeugt aus 25 Gamma-varianten Funktionen



(b) Singulärwerte (Gamma-variate)

Abbildung 4.13.: ONB generiert aus 25 Gamma-varianten zusammen mit den Singulärwerten (Bilder entstammen dem Artikel Bannasch et al. [BFP⁺18]):

Nach der Formel (4.7) wird $\sim 54\%$ der totalen Varianz der Dynamiken durch die ONB erklärt.

Es beinhaltet nun drei Penumbra-Bereiche, wobei zwei von ihnen einen Infarkt-Kern enthalten. Zusätzlich überlagern wir die Projektionen der Maske und der dynamischen Akquise mit Rauschen.

Für elektronisches Gauß'sches Rauschen verwenden wir die Standardwerte von TIGRe. Das heißt, dass der Mittelwert auf 0 und die Standardabweichung auf 10 gesetzt werden. Die durchschnittliche Photonenzahl für das Poisson-verteilte Rauschen setzen wir auf $2,1 \cdot 10^5$. Dies entspricht in etwa einer typischen Röntgenröhre. Alle weiteren technischen Parameter bleiben wie zuvor in Tabelle 4.5 gleich und sind in Tabelle 4.7 zusammengefasst. Diese Einstellung stellt eine Simulation einer realistischen Akquisition mit weniger Dosis dar. Weiter steigern wir den Anspruch, indem wir auf die ONB basierend auf 25 Gamma-variate Funktionen (siehe Abbildung 4.13) zurückgreifen. Darüber hinaus wurde das Phantom zu einem

realistischeren Schlaganfall-Szenario hin modifiziert, um die prinzipielle Durchführbarkeit weiter zu untermauern.

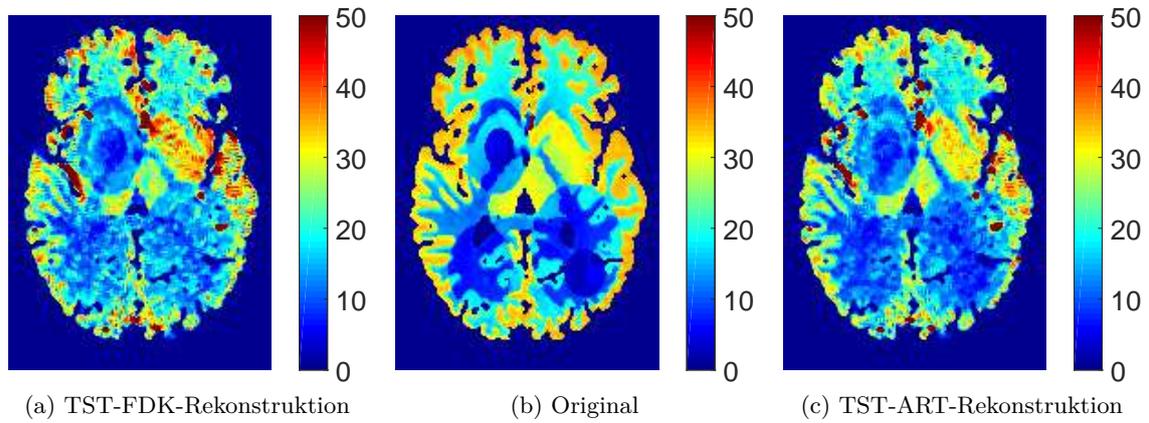


Abbildung 4.14.: Vergleich der CBF zwischen TST-FDK und TST-ART (Bilder entstammen dem Artikel Bannasch et al. [BFP⁺18]):

Wir vergleichen die Rekonstruktionen einer CBF in $\left[\frac{\text{ml}}{100\text{g}\cdot\text{min}}\right]$. Die Bildqualität der PSt-Rekonstruktionen ist so ungenügend, dass auf eine Illustration an dieser Stelle verzichtet wurde.

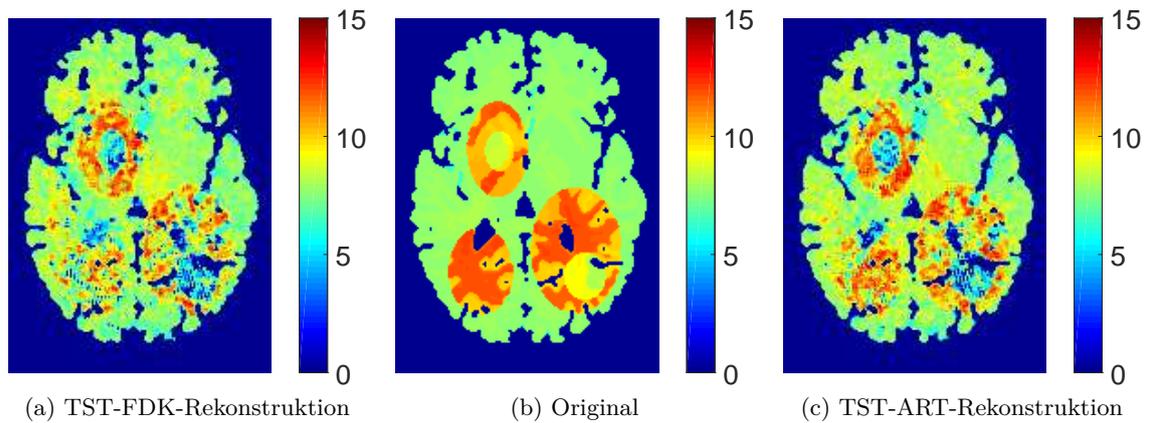


Abbildung 4.15.: Vergleich der MTT zwischen TST-FDK und TST-ART (Bilder entstammen dem Artikel Bannasch et al. [BFP⁺18]):

Wir vergleichen die Rekonstruktionen einer MTT in [s]. Die Bildqualität der PSt-Rekonstruktionen ist so ungenügend, dass auf eine Illustration an dieser Stelle verzichtet wurde.

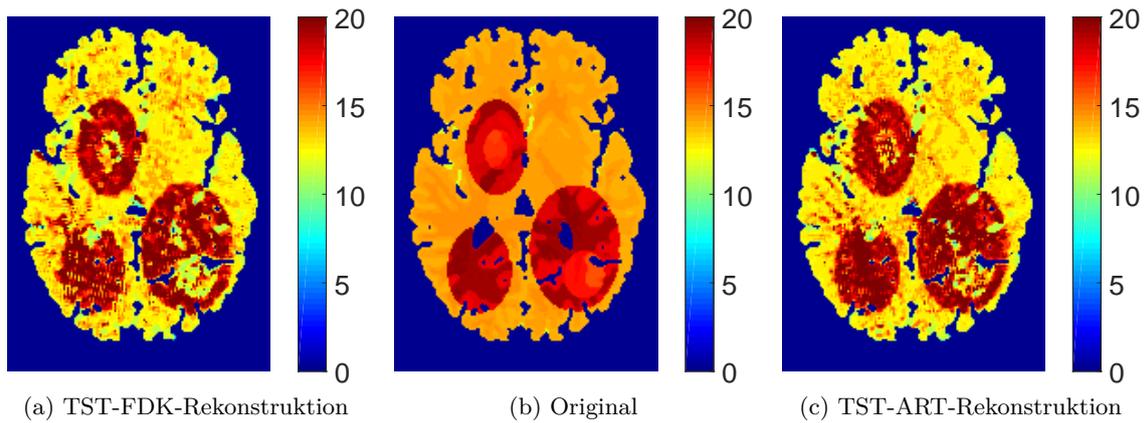


Abbildung 4.16.: Vergleich der TTP zwischen TST-FDK und TST-ART (Bilder entstammen dem Artikel Bannasch et al. [BFP⁺18]):

Wir vergleichen zum Abschluss die Rekonstruktionen einer TTP in [s]. Die Bildqualität der PSt-Rekonstruktionen ist ebenfalls hier so ungenügend, dass auf eine Illustration an dieser Stelle verzichtet wurde.

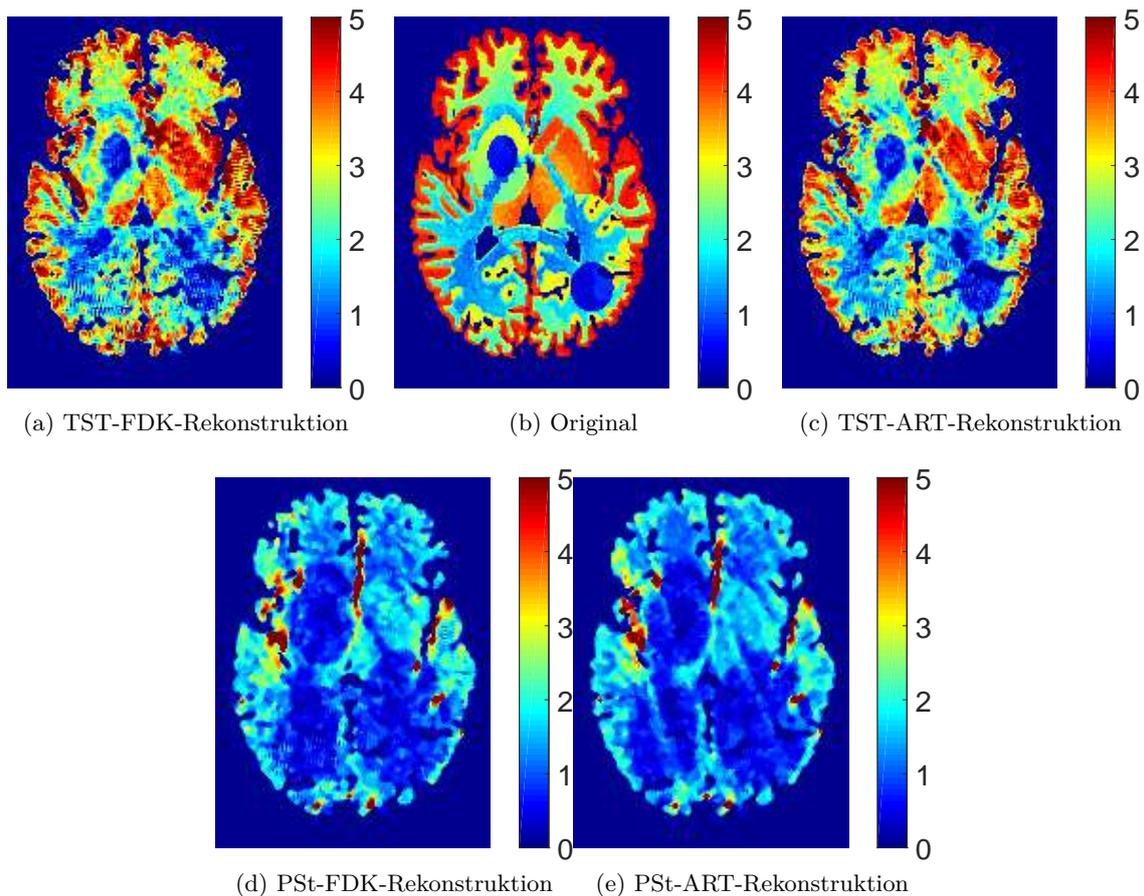
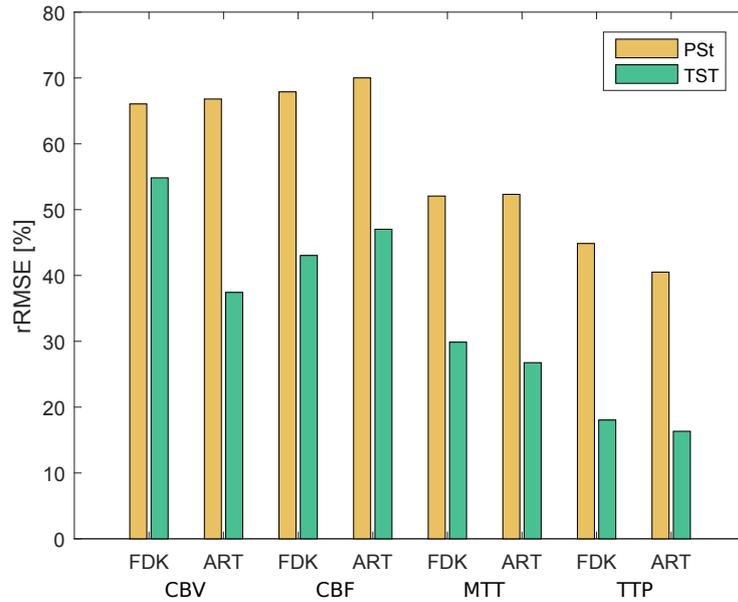
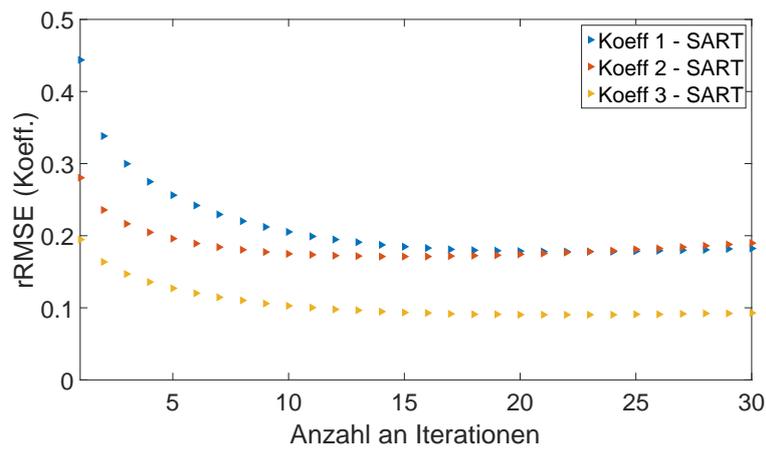


Abbildung 4.17.: Vergleich der CBV zwischen TST und PSt (Bilder entstammen dem Artikel Bannasch et al. [BFP⁺18]):

Wir vergleichen die Rekonstruktionen einer CBF in $\left[\frac{\text{ml}}{100\text{g}}\right]$. Neben TST und PSt wird auch die Auswirkung der ART und FDK auf die Rekonstruktionsgenauigkeit hier illustriert.

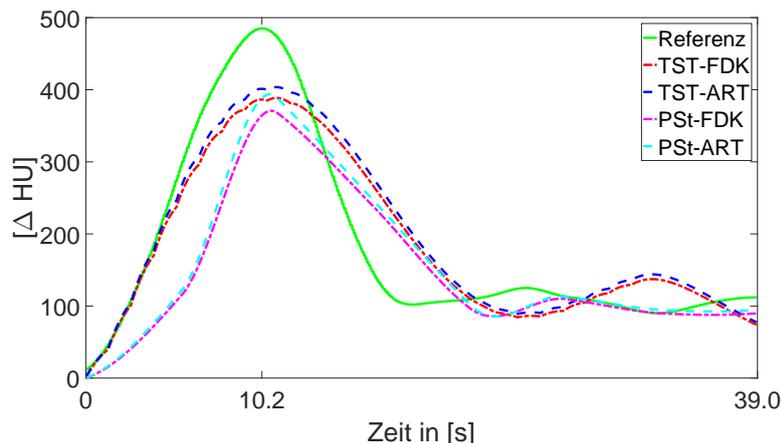


(a) TST-FDK-Rekonstruktion

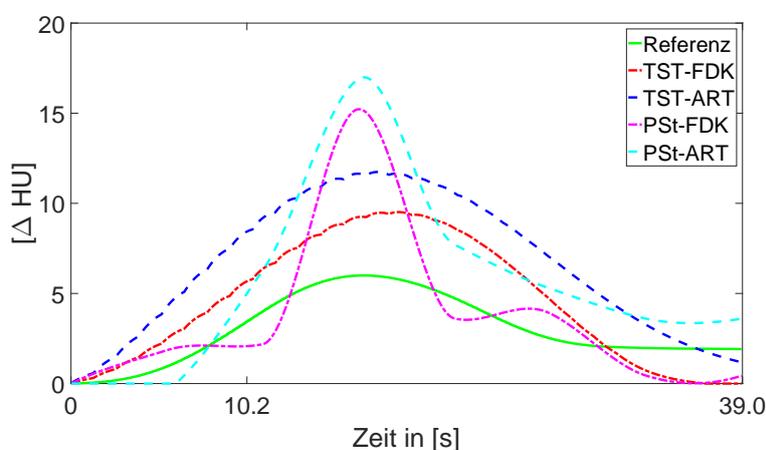


(b) TST-ART-Rekonstruktion

Abbildung 4.18.: Relativer Fehler (rRMSE) aller Perfusionskarten mit dem Akquisition-Modus VII (Bilder entstammen dem Artikel Bannasch et al. [BFP⁺18]): Der rRMSE wurde aus Voxeln der zentralen Schicht berechnet. Dabei wurden lediglich die nicht-trivialen Voxeln berücksichtigt. Darüber hinaus zeigen wir den Fehler der Gewichtungskoeffizienten, der nach 30 Iterationen erzeugt wird. Bei der ART handelte es sich um die SART, die von TIGRe zur Verfügung gestellt wird. Es werden hier Projektionen aus 20 Winkeln zu einem Subsystem zusammengefasst.



(a) Dynamische Grauwerte der arteriellen Eingangs-Funktion (AIF)



(b) Dynamische Grauwerte eines Penumbra-Voxels.

Abbildung 4.19.: Dynamische Grauwerte spezieller Voxel (Bilder entstammen dem Artikel Bannasch et al. [BFP⁺18]):

Wir sehen hier die AIF und eine ausgewählte Kurve der Penumbra. Aufgrund des Maskenabzugs werden die Grauwerte hier in ΔHU gezeigt.

Numerische Resultate (Teil II.3)

Ergänzend zeigen wir ein nochmals erschwertes Experiment. Dabei bleibt im Wesentlichen alles so wie im Teil II.1 mit dem Unterschied, dass wir nur 164 Projektionen anstatt 166 pro Rotation für die Rekonstruktion zur Verfügung haben. Des Weiteren verwenden wir eine weitere Funktion des digitalen Gehirn-Phantoms (DBP) und simulieren zusätzlich einen Schädelknochen, was die dynamische Rekonstruktion weiter erschwert.

Der elementarste Unterschied liegt jetzt in der Rekonstruktionstechnik. Während wir vorher im Grunde mit den Algorithmen der TIGRe-Software gearbeitet haben, verwenden wir bei dieser Simulationsstudie unter anderem auch das modifizierte vierstufige Runge-Kutta-Verfahren aus Kapitel 3.2 als Regularisierungsstrategie. Der Hintergrund dafür ist, dass wir zwar ein statisches, aber ebenfalls erschwertes Rekonstruktionsproblem vorliegen haben. Die geringe Anzahl an Projektionen begründet sich dadurch, dass ebenfalls negative Voxelwerte in der Rekonstruktion zulässig sind.

Wir konditionieren jeden Subiterationsschritt über den betragsgrößten Eigenwert und setzen den Relaxationsparameter $\omega = 1$, sodass wir für das Landweber-Kaczmarz-Verfahren einen stabilen Algorithmus erwarten können.

Technische Parameter	Werte
Winkel-Inkrement	$\sim 1,2^\circ$
Winkelbereich pro Rotation	200°
Quelle-zu-Detektor-Distanz	1200mm
Quelle-zu-Isocenter-Distanz	750mm
Detektorpixelgröße	$(0,616 \times 0,616)\text{mm}^2$
Anzahl der Detektorpixel	616×480
Anzahl der Projektionen	164
Volumenauflösung (DBP-Phantom)	$256 \times 256 \times 256$
Volumengröße	$(230 \times 230 \times 179)\text{mm}^3$
Bildgebung	Kegelstrahlen-CT
Anzahl an Rotationen	6 + Maske
Zeit pro Rotation	$\sim 5,0\text{s}$
Auslese-Pause	$\sim 1,6\text{s}$
ONB	Gamma-variate
Akquisitionsdauer	39,0s

Tabelle 4.8.: Technische Parameter für den Akquisition-Modus VIII:
C-Bogen-CT-Perfusion

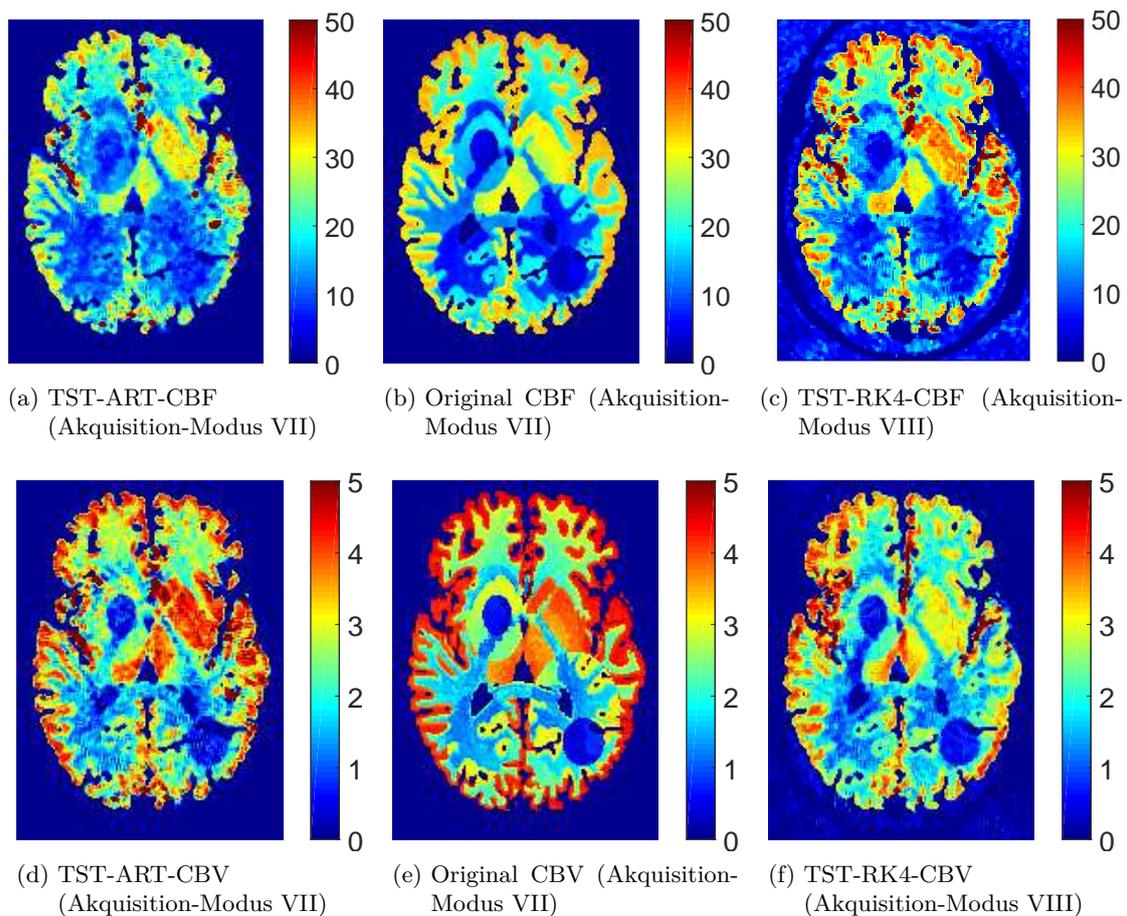
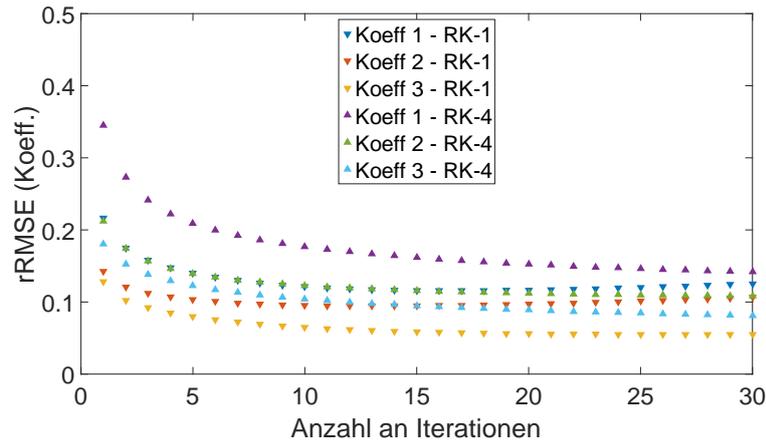
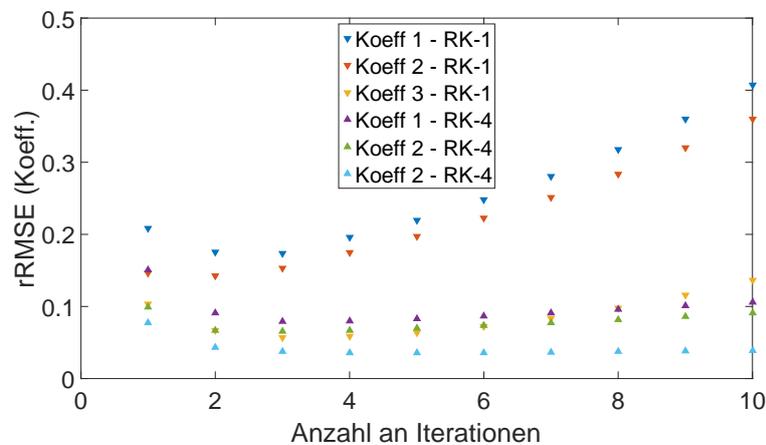


Abbildung 4.20.: Rekonstruierte CBF und CBV:

Wir vergleichen die RK4 nach drei Iterationen basierten Rekonstruktionen mit den Resultaten aus Abbildung 4.14 und 4.17. Während die SART-Rekonstruktion mit 20 Iterationen und 20 Projektionen pro Subsystem berechnet wurde, haben wir für die RK4 eine Projektion vom Subsystem definiert.



(a) TST-RK-1 und TST-RK-4 mit 20 Projektionen pro Subsystem



(b) TST-RK-1 und TST-RK-4 mit einer Projektion pro Subsystem

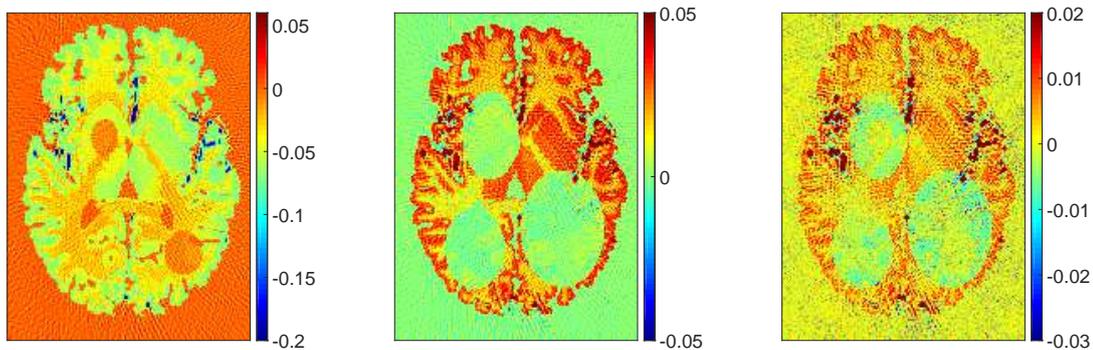
Abbildung 4.21.: Relativer Fehler vom Akquisition-Modus VIII mit Runge-Kutta-Verfahren (RK-1 und RK-4):

Wir zeigen hier den Fehler der Gewichtungskoeffizienten in Abhängigkeit der Datengröße pro Subsystem. Wir vergleichen das Landweber-Kaczmarz-Verfahren mit dem modifizierten vierstufigen Runge-Kutta-Verfahren. Unter diesen Rekonstruktions-Voraussetzungen ist die SART instabil, sodass wir auf die Illustration des entsprechenden Fehlers verzichten.

Methode ^a	Proj. pro Subsys.	Rechenzeiten (serielle Berechnung)
PSt-Interpolation (Matlab)		85, 5s pro Schicht
TST-Skalarprod. (C++)		18, 4s pro Abtastpunkt ($\sim 1, 0s$)
PSt-FDK ($6 \times$ FDK)	166	106, 9s
PSt-ART ($6 \times$ SART)	20	95, 1s pro Iteration
TST-FDK ($3 \times$ FDK)	166	29, 3s
TST-SART ($3 \times$ ART)	~ 20	23, 8s pro Iteration
TST-SART ($3 \times$ ART)	1	85, 2s pro Iteration
TST-RK1 ($3 \times$ ART)	~ 20	21, 8s pro Iteration
TST-RK1 ($3 \times$ ART)	1	86, 7s pro Iteration
TST-RK4 ($3 \times$ ART)	~ 20	23, 8s pro Iteration
TST-RK4 ($3 \times$ ART)	1	90, 9s pro Iteration

Tabelle 4.9.: C-Bogen-CT-Perfusion nach Tabellen 4.7 und 4.8

^aDie Rechenzeiten eines Systems mit 166 Projektionen unterscheidet sich nur marginal von einem System mit 164 Projektionen.



(a) TST-RK4-Koeffizient 1 (Akquisition-Modus VIII) (b) TST-RK4-Koeffizient 1 (Akquisition-Modus VIII) (c) TST-RK4-Koeffizient 1 (Akquisition-Modus VIII)

Abbildung 4.22.: Rekonstruierte Gewichtungskoeffizienten :

Neben der CBF in $\left[\frac{\text{ml}}{100\text{g}\cdot\text{min}}\right]$ und CBV in [s], die wir mit der TST rekonstruiert haben, sehen wir hier auch den Zwischenschritt. Die statische CT-Rekonstruktionsaufgabe besteht in der Berechnung der Koeffizienten. Diese unterliegen keiner physikalischen Plausibilität.

Diskussion

- Teil II.1 der Simulationsstudie ist in erster Linie eine Konsistenzprüfung der TST-MBPR. Das Protokoll in Tabelle 4.5 orientiert sich dabei an den technischen Parametern einer typischen CBCT-Perfusionsmessung mit einem klinischen C-Bogen-Angiographie-System wie dem Siemens Artis Zeego. Der Simulationsaufbau ist jedoch hier ebenfalls stark vereinfacht. Die Projektionen für die Maske und das dynamische Volumen sind exakt simuliert. Dies ermöglicht, dass eine Registrierung von Bildern oder ähnliche Bild-Verarbeitungsschritte nicht nötig sind. Schließlich wird in diesem Teil auf eine Zugabe von Gauß- oder Poisson-verteilten Rauschen noch verzichtet. Der zugrunde liegende modellbasierte Ansatz, auf dem die TST aufbaut, stellt eine Vorwissen-Integration dar. Es ist daher ersichtlich, dass die Rekonstruktionsgüte in unmittelbarem Zusammenhang zur Wahl der ONB steht. Das heißt,

umso genauer das *a priori* Wissen die Perfusion des Patienten beschreibt, desto höher ist die Genauigkeit, die wir bei der Rekonstruktion erwarten können. Indem wir also die ONB, siehe Abbildung 4.8, aus dem dynamischen Phantom direkt generieren, gehen wir sicher, dass potentielle Schwächen nicht auf eine falsche Wahl der ONB zurückzuführen ist. So können wir uns im Wesentlichen auf die Konsistenz der TST konzentrieren.

Sowohl die Perfusionskarten, wie die CBF in Abbildung 4.9 und 4.10, als auch die alternativen Perspektiven in 4.10 bestätigen die Zuverlässigkeit der dynamischen Rekonstruktion. Weitere Karten wie CBV, MTT und TTP sind in Abbildung A.3, A.4 und A.5 im Anhang A zu sehen. Es lassen sich die Defizite, damit sind die Infarkte und die restliche Perfusion gemeint, klar quantifizieren. Insbesondere die Rekonstruktionen, die iterativ berechnet wurden, zeigen optisch ein sehr hohe Übereinstimmung zum Original. Weiter zeigen die ausgewählten TACs in Abbildung 4.11, dass die simulierten Charakteristiken des dynamischen Phantoms erhalten bleiben. Abgesehen von einer leichten Unterschätzung der originalen Kurven, ist keine Deformation der rekonstruierten TACs erkennbar, was aber der Wahl einer optimalen ONB zuzuschreiben ist.

Für eine bessere Vergleichbarkeit zeigen wir zusätzliche Rekonstruktionen, die mit dem pseudostatischen Ansatz (PSt) berechnet wurden. Die Resultate der PSt-Rekonstruktion zeigen zwar eine leicht minderwertigere Qualität auf, sind aber dennoch qualitativ gut genug, um die simulierten Defizite zu identifizieren. Die Deformation der PSt-TACs in Abbildung 4.11 spiegelt im Wesentlichen eine Veränderung des TTP-Parameters wider, indem sich das Maximum nach rechts verschoben hat. Grund hierfür ist die Mittlung der dynamischen Information innerhalb einer Rotation. Diese bewirkt, dass die Dynamiken nicht nur unterschätzt, sondern auch potenziell verzerrt werden. Der TTP-Parameter beispielsweise müsste in der entsprechenden Rotation zentral liegen, damit keine temporale Fehlinformation generiert wird. Dieses Problem tritt bei der TST mit einer optimalen ONB nicht auf, da die Position des TTP-Parameters mit der Basis abgebildet werden kann.

Aufgrund der Kegelstrahlgeometrie erwarten wir mit der zentralen Schicht mit 256^2 Voxel das optimale Ergebnis. Jedoch haben wir mit 166 Projektionen pro Rotation hier ein spatial unter-abgetastetes Rekonstruktionsproblem vorliegen, was erklärt, warum eine ART ein besseres Ergebnis ergibt, als eine FDK. In der Tat bestätigen die Ergebnisse auch dieses Phänomen. Beispielsweise wird der arterielle Eingang (AIF) in Abbildung 4.11 mit einer iterativen Methode weniger unterschätzt als bei den analytischen Verfahren. Die Folge ist hier, dass die medizinischen Parameter CBV und CBF dagegen überschätzt werden, da wir die Karten durch die AIF, siehe Tabelle 4.6, skalieren. Dieser Effekt ist vor allem in Regionen sichtbar, in denen die Perfusion eine hohe Dynamik im Gewebe erreicht, wie beispielsweise in der Großhirnrinde.

Dennoch liefert die TST-FDK akkurate Ergebnisse. Insbesondere bei der Klassifizierung der Defizite sind die Infarkte ohne Einschränkung deutlich erkennbar und lassen sich zuordnen. Das ist dahingehend wichtig, da die PSt-FDK in der praktischen Anwendung aufgrund der Rechenzeiten (hier zehn FDKs) bislang noch den Goldstandard bildet. Die TST-FDK zeigt sich demnach hier als ernstzunehmende Alternative, da diese zur Rekonstruktion nach Tabelle 4.9 lediglich drei FDK-Berechnungen benötigt. Dabei ist die Anzahl der statischen CT-Rekonstruktionsaufgaben der TST an die Anzahl der ONB-Elemente gekoppelt.

Quantitativ lässt sich der relative Fehler in Abbildung 4.12 durch die TST bis auf die CBV deutlich verringern. Das liegt daran, dass die CBV dabei der einzige Parameter ist, der sich direkt durch eine statische Rekonstruktion berechnen lässt. Die statischen Rekonstruktionen approximieren dabei das in der CBV benötigte Integral mit einer diskreten Summe beziehungsweise Überlagerungen der Rückprojektionen. Der Unterschied zwischen der TST und der PSt bei der CBV ist jedoch marginal. Wir können nichtsdestotrotz festhalten, dass sich die Bildgenauigkeit der Perfusionskarten mit der TST-MBPR insgesamt steigern lässt, obwohl das zugrundeliegende Protokoll auf eine PSt zugeschnitten ist. Das zeigt, dass sich das dynamische CT-Problem auf Ansatz von MBPR auf drei statische Rekonstruktionsauf-

gaben übertragen lässt. Die TST-FDK und die TST-ART haben dagegen einen vergleichbaren Fehler, was untermauert, dass die TST-Rekonstruktion im Wesentlichen unabhängig von der Wahl des (statischen) Rekonstruktionsalgorithmus bleibt. Die hoch ausfallenden Fehler in Abbildung 4.12 resultieren dabei aus unter-abgetasteten CBCT-Problem mit nur 166 Projektionen. Insgesamt liefert die TST unter diesen simulierten Randbedingungen ein konsistentes Ergebnis, das wir von einer modellbasierten Methode erwarten.

- Teil II.2 stellt eine Simulationsstudie dar, die stärkere an die Realität angepasste Bedingungen mit einschließt. Der Akquisitionsmodus VI beinhaltet ideale Grundvoraussetzungen, um den TST-MBPR-Algorithmus optimal anwenden zu können. Obwohl dieses Szenario wichtig ist, um die grundlegenden Eigenschaften der TST-Methode zu analysieren, stellt es eine idealisierte Situation dar, die die Übertragbarkeit auf reale Anwendungen einschränken könnte. Wir untersuchen daher einen weiteren Akquisitionsmodus, der in Tabelle 4.7 erklärt wird, um die Voraussetzung weiter an die Realität anzupassen. Wir verwenden nun wie in Teil I eine ONB, die aus einer Folge aus Gamma-Variablen generiert wurde, siehe 4.13. Diese Wahl wird dadurch begründet, dass Gamma-Variablen die Goldstandard-Funktionen für die Modellierung von TACs im Rahmen der Perfusionsbildgebung darstellen, sodass auch Neukirchen et al. [NGW10] unter anderem auf diese zurückgegriffen hat. Weiter reduzieren wir die Gesamtzahl an dynamischen Projektionen von $10 \cdot 166$ auf $6 \cdot 166$. Das entspricht dem Phänomen, dass die Rotationsgeschwindigkeit des C-Bogens auf ~ 5 gedrosselt wird. An dieser Stelle wollen wir kurz bemerken, dass in Protokollen, die mit einer solchen Geschwindigkeit gefahren werden, in etwa Projektionen (~ 248) akquiriert werden. Das bedeutet, dass wir den Schwierigkeitsgrad erhöhen, indem wir die Dosisbelastung für den Patienten verringern. Weiter liegt nun ein *verraushtes* inkonsistentes CT-System vor. Die Anzahl an ONB-Elementen orientiert sich dabei am Nyquist-Theorem. Mit jedem weiteren Element erhalten wir eine Basisfunktion höherer Ordnung. Das heißt, dass diese eine höhere Frequenz beinhaltet als die vorangegangenen. Bei sechs Rotationen und damit Abtastpunkten geben wir uns eine Grenze von drei Elementen vor. In der Tat traten bei weiteren Experimenten mit beispielsweise vier oder fünf Elementen Instabilitäten in Form von Oszillationen auf.

Während die meisten Perfusionskarten der PSt-Methode keine relevanten Informationen anzeigen, behält der TST-MBPR-Algorithmus die Hauptstruktur der Perfusion im Gewebe bei, siehe Abbildung 4.14, 4.15 und 4.16. Die einzigen brauchbaren PSt-Rekonstruktionen finden wir in der CBV, siehe Abbildung 4.17, wobei hier eine zuverlässige Quantifizierung der Defizite sehr schwer ist. Das heißt, dass wir bei der CBV-PSt nicht mehr in der Lage sind, den Infarkt-Kern von der Penumbra zu unterscheiden. Das ist jedoch nicht unerheblich wichtig, da die Penumbra die potentielle Region darstellt, die bei einer Intervention noch gerettet werden kann. Betrachten wir die dagegen die Perfusionskarten die mit der TST rekonstruiert wurden, so sind selbst die TST-FDK-Rekonstruktionen hinreichend genau, dass Infarkt-Kerne von der Penumbra ab- und eingegrenzt werden können.

Im Durchschnitt sind entsprechend die relativen Fehler der PSt-Perfusionskarten in etwa doppelt so hoch wie die Ergebnisse der TST (siehe Abbildung 4.18). Weiter ist die Deformation der Kurven (siehe Abbildung 4.19), die durch den PSt verursacht wird, derart ausgeprägt, dass die resultierenden Perfusionskarten unbrauchbar sind. Die TST-MBPR beugt durch die Integration von Vorwissen der Unterabtastung entgegen und liefert zuverlässige Rekonstruktionen. Jedoch ist bei der TST-Rekonstruktion der Schwachpunkt ersichtlich. Die gewählte ONB kann ebenfalls die ausgewählten TACs nicht optimal abbilden, sodass auch hier eine Deformation in der Rekonstruktion zusehen ist, welche sich jedoch in Grenzen hält.

Dies bestätigt die Vorteile der MBPR bei einem dynamischen CT-Problem mit in der Zeit unter-abgetasteten Daten sowie die Stabilität und Effizienz der TST-MBPR. Denn die Kombination der TST-rekonstruierten Perfusionsparameter ermöglicht es bei geringen Rechenzeiten, das betroffene Gewebe zu lokalisieren und den Grad des Schlaganfalls einzu-

schätzen, was eine Grundvoraussetzung für akkurate dynamische Bildgebung ist.

- Die statische Rekonstruktionsaufgabe der Gewichtungskoeffizienten ist dennoch kein gewöhnliches CT-Problem. Wie wir in Abbildung 4.22 illustrieren, sind negative Voxelwerte ebenfalls zulässig, die bei herkömmlichen CT-Rekonstruktionsaufgaben unphysikalisch gedeutet werden würden. Das bedeutet, dass beispielsweise die effiziente Positivitätsbedingung nicht anwendbar ist. Weiter erschwert die Simulation des Schädelknochens im DBP die Rekonstruktion, da dadurch numerische Fehler im Maskenabzug entstehen. Daher ergänzen wir abschließend zum Akquisitionsmodus VII eine weiterführende Studie, indem wir nun das Runge-Kutta-Verfahren aus Abschnitt 3.2 verwenden. Ziel ist es nun, innerhalb der TST die Stabilität und Genauigkeit bei der statischen Rekonstruktionsaufgabe zu verbessern. Der Fokus liegt hier daher auf den iterativen Methoden, da diese akkurate Ergebnisse versprechen, die aufgrund der gesenkten Rechenkomplexität wieder potenziell in Frage kommen. Wir vergleichen das Landweber-Kaczmarz-Verfahren (RK1) und das modifizierte vierstufige Runge-Kutta-Verfahren (3.25) in Abbildung 4.21 aus Abschnitt 3.2. Bei 20 Projektionen pro Subsystem ist quantitativ kein entscheidender Unterschied festzustellen. Dabei benötigen die Verfahren 10 bis 20 Iterationen, um ihr Optimum zu erreichen.

Im weitaus interessanterem Fall, bei dem eine Projektion einem Subsystem gleichgesetzt wird, weisen die Verfahren ein unterschiedliches Verhalten auf. Während das RK1-Verfahren schon nach der zweiten Iteration divergiert, bleibt das RK4-Verfahren stabil und erreicht mit der dritten Iteration sein Optimum, das es im Wesentlichen bei den weiteren Iterationen stabil beibehalten kann. Das Resultat sind Rekonstruktionen, siehe Abbildung 4.20, die trotz simulierter Schädelknochen sowie weniger Projektionen qualitativ weniger Rauschen aufweisen, als die Rekonstruktionen aus Akquisitionsmodus VII.

Summieren wir daher die numerischen Resultate aus den beiden Teilen auf, dann lässt sich folgern, dass die 4.2 das dynamische CT-Perfusionsproblem in unseren Experimenten auf kleine Zahl an statischen und unabhängigen Rekonstruktionsaufgaben reduziert. Im Fall vom Teil II.2 entsprechen diese drei CT-Systemen $(164 \cdot 616 \cdot 480) \times 256^3$ -dimensionalen Systemmatrizen. Dabei hängt die Genauigkeit der Rekonstruktion hier nicht nur von der Anzahl an Projektionen ab, sondern auch direkt von der Wahl der orthonormalen Basiselemente ab. Das heißt insbesondere, dass der TST-Algorithmus nur so gute Ergebnisse liefern kann, wie es die MBPR-Basis ermöglicht.

5. Zusammenfassung und Ausblick

5.1. Zusammenfassung

In der Computertomographie existieren viele verschiedene Verfahren, um ein CT-Bild zu berechnen. Ein Standard-Verfahren gibt es dabei streng genommen nicht. Aufgrund der geringen Rechengeschwindigkeit setzen sich verbreitet die Verfahren durch, die auf der gefilterten Rückprojektion basieren. Die Klasse der iterativen algebraischen Rekonstruktionstechniken galten lange Zeit als zu rechenintensiv, obwohl diese viele Vorteile besitzen. Sie sind selbst-konsistent, das heißt, dass sie auf keine spezielle Geometrie angewiesen sind. Weiter sind sie ohne Einschränkung nicht bandlimitiert, sodass die algebraischen Verfahren auch mit wenigen Projektionen und damit mit weniger Patientendosisbelastung noch genaue Rekonstruktionen generieren können. In einer Zeit, in der die Rechenleistung der Prozessoren immer stärker wird, werden die algebraischen Rekonstruktionstechniken (ART), die auf das Kaczmarz-Verfahren zurückgehen, dadurch immer attraktiver. Denn durch die Hinzunahme von speziellen Regularisierungs-Methoden können technische Limitationen, die beispielsweise eine Bereitstellung einer hinreichend großen Datenmenge verhindern, bis zu einem bestimmten Grad gebeugt werden. Die Anwendung der analytischen Rekonstruktionstechniken, die auf der gefilterten Rückprojektion aufbauen, begründet sich daher weitestgehend auf der Rechengeschwindigkeit für eine schnelle medizinische Diagnostik.

Diese Brisanz wird insbesondere bei der CT-Perfusionsbildgebung deutlich, bei der Dosisbelastung besonders hoch ist. Denn bei einer Schlaganfallerkrankung zählt tatsächlich jede Sekunde, sodass trotz limitierter Genauigkeit im CT-Bild doch das schnellste Verfahren zur Rekonstruktion gewählt wird. Bei einer Perfusionsmessung mit einem konventionellem CT stellt dies, abgesehen von der hohen Dosisbelastung, im Allgemeinen kein Problem dar, da es hier in temporalen Abtastung keine nennenswerten Limitationen gibt.

Möchte man jedoch eine CT-Perfusionsbildgebung mit einem C-Bogen-System bereitstellen, steht man einer Vielzahl an Problemen gegenüber. Neben den Limitationen der Kegelstrahlen-CT stellt hier die langsamen Akquisitionszeiten die größte Problematik dar, die eine zeitliche Unterabtastung der Daten bewirkt. Diese verursachen Verzerrungen der Dynamiken in der Rekonstruktion, welchen durch ein modellbasierte Vorwissensintegration entgegengewirkt werden kann.

Das Raum-Zeit-Separationsmodell, das unter anderem von Neukirchen et al. [NGW10] untersucht wurde und ebenfalls eine Grundlage für den Artikel von Manhart [MKDZ⁺13] bildet, wirkt zeitlich unterabtastete CT-Perfusionsdaten entgegen. Solche Datensätze werden bei der Perfusionsmessung mit langsam rotierenden C-Bogen-CT-Systemen unter akquiriert.

Bei dem Raum-Zeit-Separationsmodell wird *a priori* Wissen über die zu erwartenden Dynamiken der Kontrastmittelkurven (TACs) im Weichgewebe in die zeitlich aufgelöste Rekonstruktion integriert. Die Schwäche dieses Modellansatzes liegt in der Rechenkomplexität des CT-Systems. Neben der zeitlichen Dimension der Perfusionsmessdaten, wird das ohnehin schon große System durch die Anzahl der Elemente, die das Vorwissen über eine Basis transportieren, nochmals vergrößert. Aufgrund der resultierenden Rechenzeiten wurde daher dieser modellbasierte Ansatz verworfen und auf die pseudo-statische Rekonstruktionstechnik (PSt) zurückgegriffen. Bei der PSt werden die einzelnen Rotationen jeweils mit einem analytischen Verfahren wie die FDK rekonstruiert und als temporaler Abtastpunkt der Perfusion interpretiert. Die Genauigkeit des 4D-CT-Bilds wird durch Nachverarbeitungsschritte gesteigert. Denn durch die lange Akquisitionsdauer werden die Dynamiken in der Rekonstruktion derart verfälscht, dass eine medizinische Diagnostik ausgeschlossen ist. Die Zeitseparationstechnik (TST) hat das Potential durch die Integration von Vorwissen sowohl die Genauigkeit der Rekonstruktion zu steigern, als auch die Rechenkomplexität zu reduzieren. Der Rechenaufwand der TST hängt zwar noch direkt von der Anzahl der Basiselemente ab, jedoch wird die zeitliche Dimension eliminiert, sodass die Komplexität

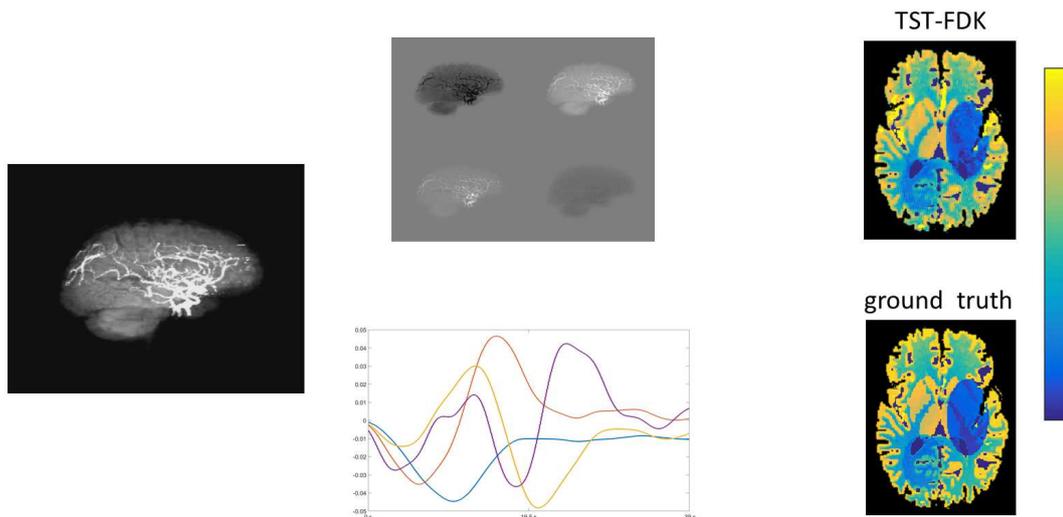


Abbildung 5.1.: Zusammenfassung der TST-MBPR (das Schema wurde für einen internen Workshop erstellt):

Wir zeigen hier den Schematischen Aufbau der TST von links nach rechts. Der dynamische C-Bogen-CT-Datensatz wird durch die Berechnung des Skalarprodukts in seine spatiale und dynamische Komponente zerlegt. Die dynamische Komponente wird dabei durch Vorwissen approximiert und die CT-Rekonstruktionsaufgabe auf den spatialen Anteil verlagert. Nach der Rekonstruktion der Gewichtungskoeffizienten wird die Linearkombination der Vorwissenselemente berechnet, sodass eine dynamische Rekonstruktion resultiert. Diese wird schließlich mit medizinischen Parametern dreidimensional visualisiert.

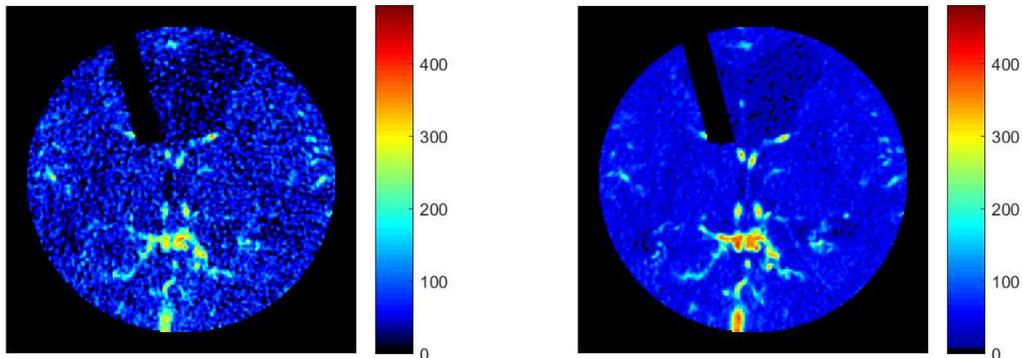
geringer ist, als bei der PSt.

Die numerischen Experimente bestätigen, dass die TST ein hohes Potenzial für eine schnelle praktische Anwendung des zeitlichen Zerlegungsmodells für die C-Bogen-CT-Perfusionsbildgebung hat, wenn die Einschränkung der Winkelkonsistenz bei multiplen Rotationsprotokollen erfüllt ist. Das heißt, wenn die C-Bogen-Trajektorie aller Rotationen stets auf die gleiche Geometrie zurückgeführt werden kann und keine erhebliche Patientenbewegung stattfindet.

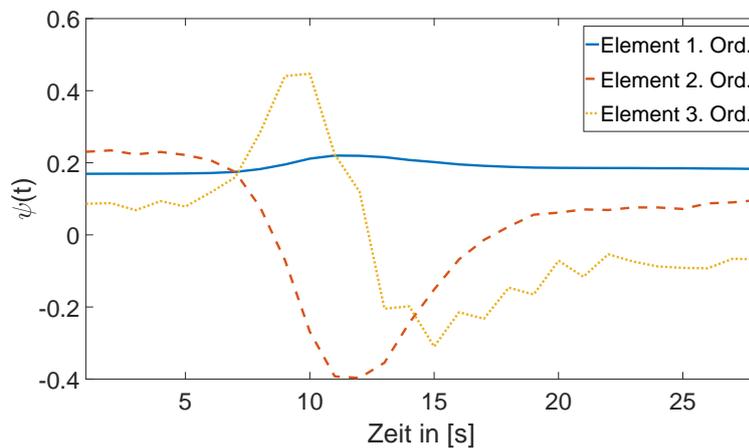
Dabei stellt die TST einen Entkopplungsalgorithmus dar, der die zeitliche Komponente von der spatialen durch eine Tensor-Multiplikation mit einer \mathcal{L}_2 links-orthogonalen Basis berechnet, siehe Abbildung 5.1.

In dieser Arbeit wird ein prinzipielle Durchführbarkeit durch eine numerische Simulation einer typischen C-Bogen-CT-Einstellung für die CT-Perfusionsmessung nachgewiesen. Schließlich wird gezeigt, dass die TST einen vielversprechenden Algorithmus für eine genaue und schnelle Durchführung der modellbasierten Perfusionsbildgebung darstellt.

5.2. Ausblick



(a) 4D-CT-Rekonstruktion vor Anwendung der MBPR-Formel (4.14) (b) 4D-CT-Rekonstruktion nach Anwendung der MBPR-Formel (4.14)



(c) ONB auf Grundlage von sieben CT-Patientendatensätzen

Abbildung 5.2.: Exemplarischer Abtastpunkt einer 4D-CT-Rekonstruktion (die Bilder für die Publikationen von Eckel et al. [EBFR18] und Bannasch et al. [BEF⁺18] erstellt):

Nach der Anwendung der Formel (4.14) als Nachverarbeitungsschritt erkennen wir qualitativ eine Rekonstruktion mit reduzierten Rauschen sowie verstärkten Kontrasten. Die verwendeten CT-Daten wurden innerhalb einer offenen Kooperation von M²OLIE Forschungscampus aus Mannheim und dem Universitätsklinik für Neuroradiologie, Universitätsklinikum Magdeburg A.ö.R. bereitgestellt.

Vergleichen wir die TST mit anderen MBPR-Algorithmen oder der PSt hängt die Anzahl der erforderlichen Rechenoperationen nun im Wesentlichen weder von der zeitlichen Abtastung der Basisfunktionen, noch von der Anzahl der Rotationen ab. Dies ermöglicht eine deutliche Beschleunigung bei gleichzeitiger Beibehaltung der Vorteile einer MBPR, eine erhöhte Genauigkeit in der Rekonstruktion. Die Anzahl einer TST-Rekonstruktion entspricht in etwa der Anzahl an ONB-Elementen. Eine vollständige Analyse der Rechenzeiten sowie die Untersuchung des maximal erreichbaren Parallelisierungsgrades werden jedoch Gegenstand zukünftiger Arbeiten sein. Insbesondere wird dabei die Beschleunigung durch den Rückgriff auf Grafikprozessoren (GPU) im Fokus stehen. Wie bereits erwähnt, werden

Gamma-Variablen als suboptimale Eingabefunktionen für die ONB-Generierung verwendet, da sie als Goldstandard für TACs gelten. Als alternative Grundlage für eine ONB können die interpolierten Projektionen verwendet werden, um TACs zu generieren. Denn diese stellen ja eine Linearkombination der dynamischen Voxeln dar, sodass eine lineare Transformation wie die Singulärwertzerlegung eine Patienten-spezifische ONB erzeugt. Das einzige Manko hierbei kann dadurch verursacht werden, dass die Interpolation der Projektionen nicht ausreicht, um die zeitliche Unterabtastung zu beugen. Eine ONB generiert aus den interpolierten Patientendaten, kann aber durchaus als Grundlage für eine Patienten-spezifische ONB dienen, indem man sie durch weiteres Vorwissen optimiert, und stellt einen weiteren Angriffspunkt für weiterführende Projekte dar. In den Artikeln von Eckel et al. [EBFR18] und Bannasch et al. [BEF⁺18] werden in diesem Zusammenhang ONBs vorgestellt, die auf rekonstruierten Perfusionsdaten beruhen, die mit einem konventionellen CT akquiriert wurden. Hierbei ist zu bemerken, dass die Anwendung der Formel 4.14 die Genauigkeit der 4D-CT-Bilder steigern konnten, da so Rauschen reduziert wird, siehe Abbildung 5.2. Dieses Phänomen deutete sich bereits bei der modellbasierten Berechnung der Perfusionskarten an, welche einen stabilen Algorithmus liefert. Die in Abbildung 5.2 gezeigte ONB basiert lediglich auf einer Datenmenge von sieben Patienten und daher weiter optimiert werden kann. Abgesehen davon hat die TST aus dem Artikel von Bannasch et al. [BFP⁺18] das Potential auch die Genauigkeit für konventionelle CT-Perfusion zu steigern beziehungsweise Anzahl an Projektionen für die dynamische Rekonstruktion zu verringern. Diese Möglichkeit wurde daher auch in der Patentschrift von Bannasch et al. [BFR18] behauptet und liefert eine weitere künftige Forschungsgrundlage.

Ein weiteres zukünftiges Forschungsprojekt stellt die Patientenbewegung dar. Um die akkurate Interpolation der Projektionen gewährleisten zu können, sollte die Winkelkonsistenz im Wesentlichen erfüllt sein. Liegen die Projektionsprofile unter den einzelnen Blickwinkel morphologische nicht deckungsgleich aufeinander, so können algorithmische Fehlinterpretationen passieren. Wir betrachten beispielsweise einen Pixel, der im Idealfall die Superposition von Knochen abbilden sollte, unter einem festen Blickwinkel. Wenn sich der Patient unter einem Schlaganfall derart bewegt, dass der Pixel mindestens unter einem Zeitpunkt eine Überlagerung mit Gewebe detektiert, interpretiert die TST dies fälschlicherweise als Dynamik beziehungsweise Perfusion. Ein paralleles Projekt zeigt, dass bereits eine rigide Registrierung der entsprechenden Projektionen zueinander diesem Problem entgegen wirken kann. Jedoch müssen solche Problematiken noch weitergehend erforscht werden, bis eine zuverlässige und effiziente Rekonstruktion von Patientendaten erfolgen kann. Die Ergebnisse dieses Kapitels zeigt aber, dass die prinzipielle Durchführbarkeit gewährleistet ist, und eine neue Grundlage für die modellbasierte Rekonstruktion darstellen kann.

Primärliteratur

- [AK84] ANDERSEN, A. H. ; KAK, A. C.: Simultaneous Algebraic Reconstruction Technique (SART): A Superior Implementation of the Art Algorithm. In: *Ultrasonic Imaging* 6 (1984), Nr. 1, 81-94. <http://dx.doi.org/10.1177/016173468400600107>. – DOI 10.1177/016173468400600107. – PMID: 6548059
- [Aki91] AKIMA, H.: A Method of Univariate Interpolation That Has the Accuracy of a Third-degree Polynomial. In: *ACM Trans. Math. Softw.* 17 (1991), sep, Nr. 3, 341–366. <http://dx.doi.org/10.1145/114697.116810>. – DOI 10.1145/114697.116810. – ISSN 0098–3500
- [AMN⁺13] AICHERT, A. ; MANHART, M. ; NAVALPAKKAM, B. ; GRIMM, R. ; HUTTER, J. ; MAIER, A. ; HORNEGGER, J. ; DOERFLER, A.: A Realistic Digital Phantom for Perfusion C-Arm CT Based on MRI Data. In: IEEE (Hrsg.): *2013 IEEE Nuclear Science Symposium and Medical Imaging Conference Record (NSS/MIC)*, 2013. – ISSN 1082–3654, 1–2
- [BDHS16] BIGURI, A. ; DOSANJH, M. ; HANCOCK, S. ; SOLEIMANI, M.: TIGRE: a MATLAB-GPU toolbox for CBCT image reconstruction. In: *Biomedical Physics and Engineering Express* 2 (2016), Nr. 5, 055010. <http://dx.doi.org/10.1088/2057-1976/2/5/055010>. – DOI 10.1088/2057-1976/2/5/055010
- [BEF⁺18] BANNASCH, S. ; ECKEL, C. ; FRYSCH, R. ; BEUING, O. ; WARNECKE, G.: Noise Reduction in Perfusion Imaging using Data-driven Prior Knowledge. In: *NeuroRad 2018*. Frankfurt am Main, 2018
- [BFB⁺15] BANNASCH, S. ; FRYSCH, R. ; BISMARCK, R. ; WARNECKE, G. ; ROSE, G.: An Optimal relaxation of the Algebraic Reconstruction Technique for CT Imaging. In: *13th International Meeting on Fully Three-Dimensional Image Reconstruction* (2015), Juni, S. 622–625
- [BFP⁺18] BANNASCH, S. ; FRYSCH, R. ; PFEIFFER, T. ; WARNECKE, G. ; ROSE, G.: Time Separation Technique: Accurate Solution for 4-D C-Arm-CT Perfusion Imaging Using a Temporal Decomposition Model. In: *Medical physics* (2018), Januar. <http://dx.doi.org/10.1002/mp.12768>. – DOI 10.1002/mp.12768. – ISSN 2473–4209 0094–2405
- [BFPR14] BANNASCH, S. ; FRYSCH, R. ; PFEIFFER, T. ; ROSE, G.: An implicit optimization approach for the Kaczmarz method applied to algebraic reconstruction techniques for computed tomography. In: *4th IMA Conference on Numerical Linear Algebra and Optimisation -abstracts book and delegate list*. Birmingham, 2014
- [BFR16] BISMARCK, R. ; FRYSCH, R. ; ROSE, G.: Reduction of beam hardening artifacts on real C-Arm CT data using statistical polyenergetic image reconstruction. In: *CT-Meeting 2016: the 4th International Meeting on Image Formation in X-Ray Computed Tomography*. Bamberg Germany, 2016

- [BFR18] BANNASCH, S. ; FRYSCH, R. ; ROSE, G.: *Verfahren zur Ermittlung eines Perfusionsdatensatzes, sowie Röntgenvorrichtung, Computerprogramm und elektronisch lesbarer Datenträger*. <https://patents.google.com/patent/DE102016219709B3/de>. Version: mar 2018. – WO 2005/ 087 107 A1, DE 10 2016 219 709 B3 2018.03.01
- [BFWR14] BANNASCH, S. ; FRYSCH, R. ; WARNECKE, G. ; ROSE, G.: Optimale Relaxation der algebraischen Rekonstruktionstechnik fuer CT. In: *Image-Guided Interventions (IGIC) 1* (2014), Nr. 1
- [BP08] BÖCKMANN, C. ; PORNSAWAD, P.: Iterative Runge–Kutta-type methods for nonlinear ill-posed problems. In: *Inverse Problems* 24 (2008), Nr. 2, 025002. <http://stacks.iop.org/0266-5611/24/i=2/a=025002>
- [BPWR15] BANNASCH, S. ; PFEIFFER, T. ; WARNECKE, G. ; ROSE, G.: Accelerating of regularized Algebraic Reconstruction Technique evaluated with a simulation of computed tomography. In: *IMA Conference on Numerical Methods for Simulation : Tuesday 1 - Friday 4 September 2015, Mathematical Institute, University of Oxford ; abstracts book and delegate list*. Oxford, September 2015
- [Bra00] BRACEWELL, R. N.: *The Fourier Transform and Its Applications*. McGraw Hill, 2000 (Electrical engineering series). <https://books.google.de/books?id=ZNQQAQAIAAJ>. – ISBN 9780073039381
- [BSM08] BRONSTEIN, I. N. ; SEMENDJAJEW, K. A. ; MUSIOL, G.: *Taschenbuch der Mathematik, m. CD-ROM*. Deutsch (Harri), 2008. – ISBN 3817120176
- [Buz08] BUZUG, T. M.: *Computed Tomography: From Photon Statistics to Modern Cone-Beam CT*. Berlin Heidelberg : Springer, 2008. <http://dx.doi.org/10.1007/978-3-540-39408-2>. <http://dx.doi.org/10.1007/978-3-540-39408-2>
- [BWR13] BANNASCH, S. ; WARNECKE, G. ; ROSE, G.: *Iterative solution of system matrices from computer tomography using discrete time flow methods*. Otto-von-Guericke Universität Magdeburg, Fakultät für Mathematik, 2013 (Preprint Nr. 11)
- [BWR15] BANNASCH, S. ; WARNECKE, G. ; ROSE, G.: Koeffizientenbasierte Algebraische Rekonstruktions-Technik für modellbasierte Perfusionsbildgebung. In: *IGIC 2015 Abstractband - Vorträge*. Mannheim, 2015, S. 19
- [BWR16] BANNASCH, S. ; WARNECKE, G. ; ROSE, G.: A compact algorithm for a model-based perfusion reconstruction technique. Birmingham Univ., 2016
- [BWR17a] BANNASCH, S. ; WARNECKE, G. ; ROSE, G.: Dynamische Perfusionsbildgebung mit C-Arm-System. In: *Clinical neuroradiology: official publication of the German, Austrian and Swiss societies of neuroradiology*. Gürzenich, Köln, Oktober 2017, S. 46
- [BWR17b] BANNASCH, S. ; WARNECKE, G. ; ROSE, G.: Robust Computation of Perfusion Maps for Spatiotemporal Model-based CT Reconstructions. In: *3. Image-Guided Interventions Conference - Abstract Book*. Magdeburg, November 2017, S. 31
- [CE02] CENSOR, Y. ; ELFVING, T.: Block-Iterative Algorithms with Diagonally Scaled Oblique Projections for the Linear Feasibility Problem. In: *SIAM J. Matrix Analysis Applications* 24 (2002), Nr. 1, S. 40–58

- [CL] CHEN, Guang-Hong ; LI, Yinsheng: Synchronized multiartifact reduction with tomographic reconstruction (SMART-RECON): A statistical model based iterative image reconstruction method to eliminate limited-view artifacts and to mitigate the temporal-average artifacts in time-resolved CT. In: *Medical Physics* 42, Nr. 8, 4698-4707. <http://dx.doi.org/10.1118/1.4926430>. – DOI 10.1118/1.4926430
- [DH02] DEUFLHARD, P. ; HOHMANN, A.: *Numerische Mathematik*. De Gruyter, 2002 (De Gruyter Lehrbuch 1). <http://books.google.de/books?id=6pcxZMeSpj8C>. – ISBN 9783110171822
- [DR08] DAHMEN, W. ; REUSKEN, A.: *Numerik für Ingenieure und Naturwissenschaftler*. Springer, 2008 (Springer-Lehrbuch). <http://books.google.de/books?id=zWenT-hxDxEC>. – ISBN 9783540764922
- [EBFR18] ECKEL, C. ; BANNASCH, S. ; FRYSCH, R. ; ROSE, G.: A compact and accurate set of basis functions for model-based reconstructions. In: *BMT 2018 - Biomedical Technology Conference*. Aachen, September 2018
- [EF03] ELBAKRI, I. A. ; FESSLER, J. A.: Segmentation-free statistical image reconstruction for polyenergetic x-ray computed tomography with experimental validation. In: *Physics in Medicine & Biology* 48 (2003), Nr. 15, 2453. <http://stacks.iop.org/0031-9155/48/i=15/a=314>
- [Elf80] ELFVING, T.: Block-iterative methods for consistent and inconsistent linear equations. In: *Numerische Mathematik* 35 (1980), Mar, Nr. 1, S. 1–12. – ISSN "
- [EP03] EHRENPREIS, L. ; PRESS, Oxford U.: *The Universality of the Radon Transform*. Oxford University Press, 2003 (Oxford mathematical monographs). <https://books.google.de/books?id=ZBpmiyI7qGYC>. – ISBN 9780198509783
- [Eps08] EPSTEIN, C. L.: *Introduction to the Mathematics of Medical Imaging*. Society for Industrial and Applied Mathematics, 2008 <https://books.google.de/books?id=bGBFAAAAYAAJ>. – ISBN 9780898716429
- [FBKR19] FRYSCH, R. ; BANNASCH, S. ; KULVAIT, V. ; ROSE, G.: *Efficient Nullspace-constrained Modifications of Incompletely Sampled CT Images*. University of Pennsylvania, Philadelphia, PA, USA, 2019 (Submitted)
- [FDK84] FELDKAMP, L. A. ; DAVIS, L. C. ; KRESS, J. W.: Practical cone-beam algorithm. In: *Journal of the Optical Society of America A: Optics, Image Science, and Vision* 1 (1984), Jun, S. 612–619. <http://dx.doi.org/10.1364/JOSAA.1.000612>. – DOI 10.1364/JOSAA.1.000612
- [Fee09] FEEMAN, T. G.: *The Mathematics of Medical Imaging: A Beginner's Guide*. Springer, 2009 (Springer Undergraduate Texts in Mathematics and Technology). <https://books.google.de/books?id=8uQwQv2wSBMC>. – ISBN 9780387927114
- [FKG⁺11] FIESELMANN, A. ; KOWARSCHIK, M. ; GANGULY, A. ; HORNEGGER, J. ; FAHRIG, R.: Deconvolution-based CT and MR Brain Perfusion Measurement: Theoretical Model Revisited and Practical Implementation Details. In: *Journal of Biomedical Imaging* 2011 (2011), jan, 14:1–14:20. <http://dx.doi.org/10.1155/2011/467563>. – DOI 10.1155/2011/467563. – ISSN 1687–4188

- [FM13a] FIESELMANN, A. ; MANHART, M.: C-arm CT Perfusion Imaging in the Interventional Suite. In: *Medical Imaging* 9 (2013), Nr. 2, 96–101. <http://dx.doi.org/10.2174/1573405611309020004>. – DOI 10.2174/1573405611309020004
- [FM13b] FIESELMANN, A. ; MANHART, M.: C-arm CT Perfusion Imaging in the Interventional Suite. In: *Current Medical Imaging Reviews* 9 (2013), Nr. 2, 96–101. <http://dx.doi.org/10.2174/1573405611309020004>. – DOI 10.2174/1573405611309020004
- [FPB⁺14] FRYSCH, R. ; PFEIFFER, T. ; BANNASCH, S. ; ROSE, G. ; SEROWY, S. ; SKALEJ, M.: C-arm perfusion imaging with a fast penalized maximum-likelihood approach. In: *Proc. SPIE* Bd. 9033. San Diego, 2014, 90332M–90332M–8
- [FR15] FRYSCH, Robert ; ROSE, Georg: Rigid Motion Compensation in Interventional C-arm CT Using Consistency Measure on Projection Data. Version: 2015. http://dx.doi.org/10.1007/978-3-319-24553-9_37. In: NAVAB, N. (Hrsg.) ; HORNEGGER, J. (Hrsg.) ; WELLS, W. M. (Hrsg.) ; FRANGI, A. F. (Hrsg.): *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI 2015* Bd. 9349. Springer International Publishing, 2015. – ISBN 978–3–319–24552–2, 298–306
- [Hel99] HELGASON, S.: *The Radon Transform*. Birkhäuser Boston, 1999 (Progress in Mathematics). <https://books.google.de/books?id=tq3eStnBwIUC>. – ISBN 9780817641092
- [HHO09] HOCHBRUCK, M. ; HOENIG, M. ; OSTERMANN, A.: Regularization of nonlinear ill-posed problems by exponential integrators. (2009). <http://dx.doi.org/10.1051/m2an/2009021>. – DOI 10.1051/m2an/2009021
- [HKLaS07] HALTMEIER, M. ; KOWAR, R. ; LEITÃO, A. ; SCHERZER, O.: Kaczmarz methods for regularizing nonlinear ill-posed equations. I: Applications. In: *Inverse Probl. Imaging* 1 (2007), Nr. 2, S. 289–298. <http://dx.doi.org/10.3934/ipi.2007.1.289>. – DOI 10.3934/ipi.2007.1.289
- [HN01] HUNTER, J. K. ; NACHTERGAELE, B.: *Applied Analysis*. World Scientific, 2001 <https://books.google.de/books?id=oOYQVeHmNk4C>. – ISBN 9789810241919
- [HNW11] HAIRER, E. ; NØRSETT, S.P. ; WANNER, G.: *Solving Ordinary Differential Equations I: Nonstiff Problems*. Springer, 2011 (Springer Series in Computational Mathematics). <http://books.google.de/books?id=tj3vAAAAMAAJ>. – ISBN 9783540566700
- [Hör90] HÖRMANDER, L.: *The analysis of linear partial differential operators: Distribution theory and Fourier analysis*. Springer-Verlag, 1990 (Springer Study Edition). <https://books.google.de/books?id=UpdaAAAAYAAJ>. – ISBN 9783540523437
- [Hub81] HUBER, P. J.: *Robust Statistics*. John Wiley & Sons, New York, 1981
- [HW04] HAIRER, E. ; WANNER, G.: *Solving Ordinary Differential Equations II: Stiff and Differential-Algebraic Problems*. Springer, 2004 (Springer Series in Computational Mathematics). <http://books.google.de/books?id=m7c8nNLPwaIC>. – ISBN 9783540604525

- [JW03] JIANG, M. ; WANG, G.: Convergence of the simultaneous algebraic reconstruction technique (SART). In: *IEEE Transactions on Image Processing* 12 (2003), Aug, Nr. 8, S. 957–961. <http://dx.doi.org/10.1109/TIP.2003.815295>. – DOI 10.1109/TIP.2003.815295. – ISSN 1057–7149
- [Kac37] KACZMARZ, S.: Angenäherte Auflösung von Systemen linearer Gleichungen. In: *Bulletin International de l'Académie Polonaise des Sciences et des Lettres* 35 (1937), S. 355–357
- [KGLL09] KONSTAS, A. A. ; GOLDMAKHER, G. V. ; LEE, T.-Y. ; LEV, M. H.: Theoretic basis and technical implementations of CT perfusion in acute ischemic stroke, part 1: theoretic basis. In: *American Journal of Neuroradiology* 30 (2009), Nr. 4, S. 662–668. <http://dx.doi.org/10.3174/ajnr.A1492>. – DOI 10.3174/ajnr.A1492
- [KPTF12] KIM, D. ; PAL, D. ; THIBAUT, J.-B. ; FESSLER, J. A.: Improved ordered subsets algorithm for 3D X-ray CT image reconstruction. In: *Proc. Second Intl. Mtg. on image formation in X-ray computed tomography* (2012), S. 378–81. <http://dx.doi.org/https://pdfs.semanticscholar.org/c82f/577a2691682e321534513f02589c8856e703.pdf>. – DOI <https://pdfs.semanticscholar.org/c82f/577a2691682e321534513f02589c8856e703.pdf>
- [Lan51] LANDWEBER, L.: An Iteration Formula for Fredholm Integral Equations of the First Kind. In: *American Journal of Mathematics* 73 (1951), S. 615–624
- [LF95] LANGE, K. ; FESSLER, J. A.: Globally convergent algorithms for maximum a posteriori transmission tomography. In: *IEEE Trans. Image Processing* 4 (1995), Nr. 10, S. 1430–1438
- [Mad92] MADSEN, M. T.: A simplified formulation of the gamma variate function. In: *Physics in Medicine and Biology* 37 (1992), Nr. 7, 1597. <http://dx.doi.org/10.1088/0031-9155/37/7/010>. – DOI 10.1088/0031-9155/37/7/010
- [Man] MANHART, M: *Digital brain perfusion phantom*. <http://www5.cs.fau.de/data/>
- [MAS⁺14] MANHART, Michael T. ; AICHERT, André ; STRUFFERT, Tobias ; DEUERLING-ZHENG, Yu ; KOWARSCHIK, Markus ; MAIER, Andreas K. ; HORNEGGER, Joachim ; DOERFLER, Arnd: Denoising and artefact reduction in dynamic flat detector CT perfusion imaging using high speed acquisition: first experimental and clinical results. In: *Physics in Medicine and Biology* 59 (2014), jul, Nr. 16, 4505–4524. <http://dx.doi.org/10.1088/0031-9155/59/16/4505>. – DOI 10.1088/0031-9155/59/16/4505
- [MKDZ⁺13] MANHART, M. ; KOWARSCHIK, M. ; DEUERLING-ZHENG, A. Fieselmann Y. ; ROYALTY, K. ; MAIER, A. ; HORNEGGER, J.: Dynamic Iterative Reconstruction for Interventional 4-D C-Arm CT Perfusion Imaging. In: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 32 (2013), Nr. 7, 1336–48. <http://dx.doi.org/10.1109/TMI.2013.2257178>. – DOI 10.1109/TMI.2013.2257178
- [ML07] MONTES, P. ; LAURITSCH, G.: A temporal interpolation approach for dynamic reconstruction in perfusion CT. In: *Medical Physics* 34 (2007), Nr. 7, S. 3077–92. <http://dx.doi.org/10.1118/1.2746486>. – DOI 10.1118/1.2746486
- [MSCH14] MAIER, A. ; STEIDL, S. ; CHRISTLEIN, V. ; HORNEGGER, J.: *Medical Imaging Systems: An Introductory Guide*. Springer International Publishing, 2014. <http://dx.doi.org/10.1007/978-3-319-96520-8>. <http://dx.doi.org/10.1007/978-3-319-96520-8>. – ISBN 978–3–319–96520–8

- [Nat01] NATTERER, F.: *The Mathematics of Computerized Tomography*. Society for Industrial and Applied Mathematics, 2001 (Classics in Applied Mathematics). <https://books.google.de/books?id=pZMdcIOWZxcC>. – ISBN 9780898714937
- [Neu11] NEUKIRCHEN, C.: An extended temporal interpolation approach for dynamic object reconstruction. In: *Fully Three-Dimensional Image Reconstruction in Radiology and Nuclear Medicine: proceedings*. Postdam, Germany, Europe, jul 2011, S. 379–382
- [NGW10] NEUKIRCHEN, C. ; GIORDANO, M. ; WIESNER, S.: An iterative method for tomographic x-ray perfusion estimation in a decomposition model-based approach. In: *Medical Physics* 37 (2010), Nr. 12, S. 6125–41. <http://dx.doi.org/10.1118/1.3495818>. – DOI 10.1118/1.3495818
- [NR05] NEUKIRCHEN, C. ; ROSE, G.: Parameter estimation in a model based approach for tomographic perfusion measurement. In: *IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record, 2005* Bd. 4, 2005. – ISSN 1082–3654, S. 2235–2239
- [NW01] NATTERER, F. ; WUEBBELING, F.: *Mathematical methods in image reconstruction*. Philadelphia (Pa.) : SIAM, Society of industrial and applied mathematics, 2001 ((SIAM Monographs on mathematical modeling and computation)). <http://dx.doi.org/http://dx.doi.org/10.1137/1.9780898718324>. <http://dx.doi.org/http://dx.doi.org/10.1137/1.9780898718324>. – ISBN 0–89871–472–9
- [OR00] ORTEGA, J. M. ; RHEINBOLDT, W. C.: *Iterative Solution of Nonlinear Equations in Several Variables*. Philadelphia, PA, USA : Society for Industrial and Applied Mathematics, 2000. – ISBN 0–89871–461–3
- [Pös14] PÖSCHEL, J.: *Noch mehr Analysis: Mehrdimensionale Integration, Fouriertheorie, Funktionentheorie*. Springer Fachmedien Wiesbaden, 2014 (Springer Spektrum Lehrbuch). <https://books.google.de/books?id=6y1wBAAAQBAJ>. – ISBN 9783658058548
- [Rie05] RIEDER, A.: Runge–Kutta integrators yield optimal regularization schemes. In: *Inverse Problems* 21 (2005), Nr. 2, 453. <http://stacks.iop.org/0266-5611/21/i=2/a=003>
- [Rie13] RIEDER, A.: *Keine Probleme mit Inversen Problemen: Eine Einführung in ihre stabile Lösung*. Vieweg+Teubner Verlag, 2013 <https://books.google.de/books?id=w0kdBgAAQBAJ>. – ISBN 9783322802347
- [Sav06] SAVER, J. L.: Time Is Brain—Quantified. In: *Stroke* 37 (2006), Nr. 1, 263–266. <http://dx.doi.org/10.1161/01.STR.0000196957.55928.ab>. – DOI 10.1161/01.STR.0000196957.55928.ab
- [Sma76] SMALE, S.: A convergent process of price adjustment and global newton methods. In: *Journal of Mathematical Economics* 3 (1976), Nr. 2, 107 - 120. [http://dx.doi.org/https://doi.org/10.1016/0304-4068\(76\)90019-7](http://dx.doi.org/https://doi.org/10.1016/0304-4068(76)90019-7). – DOI [https://doi.org/10.1016/0304-4068\(76\)90019-7](https://doi.org/10.1016/0304-4068(76)90019-7). – ISSN 0304–4068
- [SSR08] SEROWY, S. ; SKALAJ, M. ; ROSE, G.: A Jacobi–like solution to the model based tomographic x-ray perfusion imaging. In: *The IEEE Nuclear Science Symposium and Medical Imaging Conference: proceedings*. Honolulu, HI, USA, jan 2008. – ISSN 1082–3654, S. 3005–3008

- [Str88] STRANG, G.: *Linear Algebra and Its Applications*. Brooks Cole, 1988. <http://dx.doi.org/10.1137/1024124>. <http://dx.doi.org/10.1137/1024124>. – ISBN 0155510053
- [SV82] SHEPP, L. A. ; VARDI, Y.: Maximum Likelihood Reconstruction for Emission Tomography. In: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 1 (1982), S. 113–122
- [SV08] STROHMER, T. ; VERSHYNIN, R.: A Randomized Kaczmarz Algorithm with Exponential Convergence. In: *Journal of Fourier Analysis and Applications* 15 (2008), Apr, Nr. 2, 262. <http://dx.doi.org/10.1007/s00041-008-9030-4>. – DOI 10.1007/s00041-008-9030-4. – ISSN 1531-5851
- [SV09] STROHMER, T. ; VERSHYNIN, R.: Comments on the randomized Kaczmarz method. In: *J. Fourier Anal. Appl* (2009), S. 440
- [SW06] SCHABACK, R. ; WENDLAND, H.: *Numerische Mathematik*. Springer Berlin Heidelberg, 2006 (Springer-Lehrbuch). <https://books.google.de/books?id=wdgmBAAAQBAJ>. – ISBN 9783540267058
- [TKW15] TONG, E. ; KOMLOSI, P. ; WINTERMARK, M.: One-stop-shop stroke imaging with functional CT. In: *European Journal of Radiology* 84 (2015), Nr. 12, 2425–2431. <http://dx.doi.org/http://dx.doi.org/10.1016/j.ejrad.2014.11.027>. – DOI <http://dx.doi.org/10.1016/j.ejrad.2014.11.027>
- [Tru84] TRUMMER, M. R.: A note on the ART of relaxation. In: *Computing* 33 (1984), Sep, Nr. 3, 349–352. <http://dx.doi.org/10.1007/BF02242277>. – DOI 10.1007/BF02242277. – ISSN 1436-5057
- [Tuy83] TUY, H.: An Inversion Formula for Cone-Beam Reconstruction. In: *SIAM Journal on Applied Mathematics* 43 (1983), Nr. 3, 546-552. <http://dx.doi.org/10.1137/0143035>. – DOI 10.1137/0143035
- [War99] WARNECKE, G.: *Analytische Methoden in der Theorie der Erhaltungsgleichungen*. Teubner, 1999 (Teubner-Texte zur Mathematik). <https://books.google.de/books?id=KDrvAAAAMAAJ>
- [WDZM⁺13] WAGNER, M. ; DEUERLING-ZHENG, Y. ; MOEHLENBRUCH, M. ; BENDSZUS, M. ; BOESE, J. ; HEILAND, S.: A model based algorithm for perfusion estimation in interventional C-arm CT systems. In: *Medical Physics* 40 (2013), Nr. 3, 1–11. <http://dx.doi.org/http://dx.doi.org/10.1118/1.4790467>. – DOI <http://dx.doi.org/10.1118/1.4790467>
- [Wir06] WIRSCHING, G. J.: *Gewöhnliche Differentialgleichungen: Eine Einführung Mit Beispielen, Aufgaben und Musterlösungen*. Vieweg Verlag, Friedr. & Sohn Verlagsgesellschaft mbH, 2006 <http://books.google.de/books?id=mkIkeMSFMyMC>. – ISBN 9783835190443
- [WR05] WEESE, J. ; ROSE, G.: *Apparatus and method for the processing of perfusion images*. <https://www.google.com/patents/WO2005087107A1?cl=en>. Version: sep 2005. – WO Patent App. PCT/IB2005/050,810

Sekundärliteratur

- [1] Bannasch, S., *Das iterative Lösen von Systemmatrizen aus der Computertomographie mit Hilfe von diskreten Zeitfluss-Verfahren*, Masterarbeit, Otto-von-Guericke Universität, Magdeburg, 2013.
- [2] DeStatis, *Statistischen Bundesamts*, <https://www.destatis.de>.
- [3] Diener, I., *Globale Aspekte des kontinuierlichen Newton-Verfahren*, Habilitationsschrift, Heinrich-Heine-Universität, Düsseldorf, 1991.
- [4] doccheck, *DocCheck Flexikon*, <https://flexikon.doccheck.com>.
- [5] Iske, A., *Computer Tomography*, Vorlesungsskript, Universität Hamburg, Hamburg, 2010.
- [6] Frysch, R.; Pfeiffer, T.; Bannasch, S.; Bismark, R., *CT-Matrix*, Demonstrationssoftware, Otto-von-Guericke Universität, Magdeburg, 2011.
- [7] Kirsch, T., *Differentielle Genexpression in den Blut-Hirnschrankenkapillaren von stroke-prone spontan hypertensiven Ratten*, Dissertation, Freie Universität Berlin, Berlin, 2002.
- [8] Pietschmann, J.-F.; Wübbeling, F., *Inverse und schlecht gestellte Probleme*, Vorlesungsskript, Westfälische Wilhelms-Universität, Münster, 2012.
- [9] Rose, G., *Medical Imaging-Computer Tomography*, Vorlesungsskript, Otto-von-Guericke Universität, Magdeburg, 2011.
- [10] Siemens, *Siemens Healthineers*, <https://www.siemens-healthineers.com>.
- [11] Warnecke, G., *Numerik gewöhnlicher Differentialgleichung*, Vorlesungsskript, Otto-von-Guericke Universität, Magdeburg, 2010.
- [12] WHO, *World Health Organization*, <http://www.who.int>.
- [13] Wikipedia, *Wikipedia die freie Enzyklopädie*, www.wikipedia.org.

A. Appendix

A.1. Weitere Beispiele für Schwartz-Funktionen

Die Funktion

$$\phi_T(\mathbf{x}) = \begin{cases} \exp\left(-\frac{1}{1-\|\mathbf{x}\|_2^2}\right) & \text{für } \|\mathbf{x}\|_2 < 1 \\ 0 & \text{für } \|\mathbf{x}\|_2 \geq 1 \end{cases} \quad (\text{A.1})$$

ist mit $\phi_R \in C_0^\infty(\mathbb{R}^m)$ ein Beispiel für eine Test- und (natürlich auch) Schwartz-Funktion. Die Sinc-Funktion ist mit

$$\text{sinc}(x) := \phi_S(x) = \begin{cases} \frac{\sin(x)}{x} & \text{für } \mathbb{R} \setminus \{0\} \\ 1 & \text{für } x = 0 \end{cases} \quad (\text{A.2})$$

keine Testfunktion im $C_0^\infty(\mathbb{R})$ darstellt. Es lässt sich aber auch leicht nachrechnen, dass diese mit $\text{sinc}(x) \notin L^1(\mathbb{R})$ nicht $L^1(\mathbb{R})$ -integrierbar ist. \square

Bemerkung Details können in den Büchern von Bracewell [Bra00] Epstein [Eps08] Feeman [Fee09] und Hunter [HN01] wie auch in dem von Pöschel [Pös14] detaillierter nachgelesen werden.

Das etwas abstraktere aber kompaktere Buch von Hörmander [Hör90] definiert die δ -Distribution für eine messbare Menge $\mathbb{A} \subset \mathbb{R}$ mit

$$\delta_0(\mathbb{A}) := \begin{cases} 1 & \text{für } x \in \mathbb{A} \\ 0 & \text{für } x \notin \mathbb{A} \end{cases} \quad (\text{A.3})$$

über das Dirac-Maß. \square

A.2. Sudoku-Matrix

Schreiben wir die Gleichung des Sudoku-Beispiels aus Tabelle 2.4 als Gleichungssystem auf, so erhalten wir eine Matrix $A \in \mathbb{R}^{16 \times 16}$ mit

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \quad (A.4)$$

und $\text{Rang}(A) = 16$ sowie die zum Gleichungssystem gehörige rechte Seite

$$p = (3, 4, 42, 3, 4, 2, 3, 3, 4, 3, 5, 1, 5, 1, 6)^T.$$

Der Beweis von Kaczmarz

Przybliżone rozwiązanie układów równań liniowych. — Angenäherte Auflösung von Systemen linearer Gleichungen. Note de M. S. KACZMARZ, présenté le 14 Juin 1937 par M. Th. Banachiewicz m. t.

Obgleich die angenäherte Auflösung der Gleichung $f(x) = 0$ mit einer Unbekannten zahlreiche Bearbeitungen in der Literatur aufweist, wissen wir dennoch sehr wenig über die Auflösung von Gleichungssystemen, sogar wenn sie linear sind. Es gibt zwar einige Methoden¹⁾, welche die Auflösung gestatten, doch sind sie auf Gleichungen beschränkt, für welche die Diagonalkoeffizienten a_{ii} überwiegend groß sind im Vergleich mit den übrigen Koeffizienten; so findet man z. B. bei Mises und Polaczek-Geiringer die Bedingung $a_{ii} \geq (n-1)a_{ij}$ und dergleichen.

Man kann jedoch die Aufgabe mittels eines Iterationsverfahrens ganz allgemein lösen. Nehmen wir an, daß ein System
$$a_{i1}x_1 + a_{i2}x_2 + \dots + a_{in}x_n + b_i = 0, \quad (i=1, 2, \dots, n) \quad (1)$$
 gegeben ist, welches eine einzige Lösung x_1, x_2, \dots, x_n besitzt. Wir setzen voraus, daß die Gleichungen (1) durch Multiplikation mit entsprechenden Konstanten so umgeformt wurden, daß

$$\sum_{k=1}^n a_{ik}^2 = 1$$

für alle $i = 1, 2, \dots, n$ gilt.

¹⁾ Vgl. R. Mises und H. Polaczek-Geiringer, Praktische Verfahren der Gleichungslösung, Zeit. ang. Math. u. Mech. 9 (1929), S. 58–77, 152–164.

J. Morris, A successive approximative process for solving simultaneous linear equations, Aeronaut. Res. Com. Rep. N° 1711 (1936) p. 1–12.

(a) Kaczmarz-Beweis: Seite 1

356 S. Kaczmarz: Es sei $x_1^0, x_2^0, \dots, x_n^0$ eine erste Annäherung, die ganz beliebig sein kann. Die folgenden Annäherungen sollen wir in Gruppen, deren jede aus n (angenäherten) Lösungen besteht. Die Lösung $x_1^0, x_2^0, \dots, x_n^0$ bildet die nullte Gruppe. Es seien
$$x_1^{p(n)}, x_2^{p(n)}, \dots, x_n^{p(n)}, x_1^{p+1(n)}, x_2^{p+1(n)}, \dots, x_n^{p+1(n)}$$
 die n Lösungen der p -ten Gruppe; wir definieren die $(p+1)$ -te Gruppe folgendermaßen
$$x_1^{p+1(n)} = x_1^{p(n)} - a_{1i}L_i^{p(n)}, x_2^{p+1(n)} = x_2^{p(n)} - a_{2i}L_i^{p+1(n)} \quad (i=1, 2, \dots, n) \quad (2)$$

$$x_1^{p+1(n)} = x_1^{p+1(n-1)} - a_{1i}L_i^{p+1(n-1)}$$

In diesen Gleichungen bezeichnet $L_i^{p(n)} = \sum_{k=1}^n a_{ik}x_k^{p(n)} + b_i$ die linke Seite der i -ten Gleichung (1), wo für die Unbekannten x_1, x_2, \dots, x_n die s -te Lösung der r -ten Gruppe eingesetzt wurde. Wir behaupten, daß die Folge der Lösungen $x_1^{p(n)}, x_2^{p(n)}, \dots, x_n^{p(n)}$ gegen x_1, x_2, \dots, x_n konvergiert. Aus (2) folgt nämlich
$$x_1^{p+1(n)} - x_1 = x_1^{p(n)} - x_1 - a_{1i}L_i^{p(n)}, \quad s=0, 1, \dots, n-1,$$
 (für $s=0$, ist $x_1^{p(n)} - x_1 = x_1^{p-1(n)} - x_1 - a_{1i}L_i^{p-1(n)}$). Durch Quadrieren und Summieren von $i=1$ bis n erhält man
$$\sum_{i=1}^n (x_1^{p+1(n)} - x_1)^2 = \sum_{i=1}^n (x_1^{p(n)} - x_1)^2 + L_{2i+1}^2 - 2L_{2i+1} \sum_{i=1}^n a_{i+1,i}(x_1^{p(n)} - x_1). \quad (3)$$

Da aber
$$\sum_{i=1}^n a_{i+1,i}(x_1^{p(n)} - x_1) = L_{2i+1} - b_{i+1} + b_{i+1} = L_{2i+1}$$
 so bekommt man, wenn
$$y_{r,s} = \sum_{i=1}^n (x_i^{p(n)} - x_i)^2$$

¹⁾ In (3) ist der obere Doppelindex bei L weggelassen.

(b) Kaczmarz-Beweis: Seite 2

der Kürze halber gesetzt wird, aus (3) die Gleichung
$$y_{r,s+1} = y_{r,s} - L_{2i+1}^2. \quad (4)$$
 Die Folge $(y_{r,s})$ ist also monoton fallend und besitzt somit eine Grenze y ; da die $y_{r,s}$ beschränkt sind, kann man eine Teilfolge in der Folge $(x_i^{p(n)})$ finden, welche gegen die Grenze y_1, y_2, \dots, y_n strebt. Aus der Gleichung (4) folgt, daß

$$\lim_{r \rightarrow \infty} L_{2i+1}^2 = L_{2i+1}(y_1, y_2, \dots, y_n) = 0,$$

also auch $\lim_{r \rightarrow \infty} x_i^{p(n)} = y_i = x_i$, da das System (1) nur eine einzige Lösung besitzt. Es muß also $y_{r,s}$ gegen Null konvergieren, was besagt, daß $x_i^{p(n)}$ gegen x_i streben. Wenn das System (1) mehrere Lösungen besitzt, ist natürlich x_1, y_2, \dots, y_n eine der möglichen Lösungen. Für die praktische Ausführung der Rechnungen ist es wichtig, daß die Bedingung $\sum_{i=1}^n a_{ik}^2 = 1$ nicht streng erfüllt werden muß. Wenn man nämlich $\sum_{i=1}^n a_{ik}^2 = c_i$ setzt, $c_i \neq 1$, so geht die Relation (3) in

$$y_{r,s+1} = y_{r,s} + c_{i+1}L_{2i+1}^2 - 2L_{2i+1}$$

über. Wir sehen also, daß $y_{r,s+1} < y_{r,s}$ (und somit konvergiert), wenn $c_{i+1} < 2$. Man kann also die c_i so wählen, daß $c_i < 2$ und die Multiplikation sehr einfach werde. Geometrisch bedeutet das Verfahren folgendes: Der Punkt $x_1^0, x_2^0, \dots, x_n^0$ wird orthogonal auf die erste Hyperebene $L_1 = 0$ projiziert; die Projektion ist eben der Punkt $x_1^{(1)}, \dots, x_n^{(1)}$, welcher nun auf $L_2 = 0$ geworfen wird usw. Der Punkt $x_1^{(1)}, \dots, x_n^{(1)}$ wird wiederum auf $L_3 = 0$ geworfen und gibt den Punkt $x_1^{(2)}, \dots, x_n^{(2)}$, usw. Die Konvergenz des Verfahrens ist geometrisch ohne weiteres einleuchtend.

(c) Kaczmarz-Beweis: Seite 3

Abbildung A.1.: Der Beweis von Kaczmarz:

Kaczmarz bewies die Konvergenz für konsistente Gleichungssysteme ohne damals selbst zu ahnen, dass er damit die Grundlage der algebraischen Rekonstruktionstechnik legte. Hounsfield verwendete das Verfahren für die Berechnung der ersten CT-Bilder.

A.3. Die Klasse der expliziten Runge-Kutta-Verfahren

Liegt ein Anfangswertproblem vor und setzen wir voraus, dass es eine eindeutige Lösung besitzt, so hatten die Mathematiker Runge und Kutta folgenden Ansatz:

Sei $\mathbf{I} \subseteq \mathbb{R}^N \times \mathbb{R}$ und $f : \mathbf{I} \rightarrow \mathbb{R}^N$, so ist das Anfangswertproblem (AWP) gegeben durch

$$\begin{aligned}\dot{\mathbf{u}} &= f(\mathbf{u}, t), \\ \mathbf{u}(0) &= \mathbf{u}_0.\end{aligned}$$

□

Sei h die Schrittweite, $s = t + h\xi$ mit $0 \leq \xi \leq 1$ und integriert man die Differentialgleichung, so erhalten wir

$$\int_t^{t+h} \frac{d\mathbf{u}(s)}{ds} ds = \int_t^{t+h} f(\mathbf{u}, s) ds.$$

Daraus folgt die Integralgleichung

$$\mathbf{u}(t+h) - \mathbf{u}(t) = h \int_0^1 f(\mathbf{u}, \xi) d\xi.$$

Jetzt kann man versuchen, die rechte Seite mit Hilfe von Quadraturformeln zu approximieren

$$h \int_0^1 f(\mathbf{u}, \xi) d\xi \approx h \sum_{l=1}^L \mathbf{b}_l f(\mathbf{u}(t + \mathbf{c}_l h), t + \mathbf{c}_l h).$$

Das führt zur Approximation

$$\mathbf{u}(t+h) \approx \mathbf{u}(t) + h \sum_{l=1}^L \mathbf{b}_l f(\mathbf{u}(t + \mathbf{c}_l h), t + \mathbf{c}_l h).$$

Die unbekanntenen Werte an den Zwischenstellen $\mathbf{u}(t + \mathbf{c}_l h) = \mathbf{u}(t) + h \int_0^{\mathbf{c}_l} f(\mathbf{u}(t + h\xi), t + h\xi) d\xi$ approximiert man nochmals mit Quadraturformeln

$$\mathbf{u}(t + \mathbf{c}_l h) = \mathbf{u}(t) + h \sum_{d=1}^D \mathbf{a}_{l,d} f(\mathbf{u}(t + h\mathbf{c}_d), t + h\mathbf{c}_d)$$

für $l = 1, \dots, L$ und erhält die Klasse der (expliziten) Runge-Kutta-Verfahren (RKV)

$$\begin{aligned}\mathbf{k}_1(\mathbf{u}, t; h) &= f(\mathbf{u}, t), \\ \mathbf{k}_l(\mathbf{u}, t; h) &= f\left(\mathbf{u}_n + h \sum_{d=1}^{D-1} \mathbf{a}_{l,d} \mathbf{k}_d(\mathbf{u}, t; h), t_n + h\mathbf{c}_l\right) \\ \mathbf{u}_{n+1} &= \mathbf{u}_n + h \sum_{l=1}^L \mathbf{b}_l \mathbf{k}_l(\mathbf{u}_n, t_n; h_n),\end{aligned}\tag{A.5}$$

für $l = 2, \dots, L$, mit $\mathbf{a}_{l,d}, \mathbf{b}_l \in \mathbb{R}$, $\mathbf{c}_l \in [0, 1]$ und der Konsistenzbedingung $\sum_{l=1}^L \mathbf{b}_l = 1$. Wir nennen auf Grund der verwendeten Quadratur die \mathbf{c}_l Knoten, \mathbf{b}_l Gewichte und können die Klasse der L -stufigen RKV in einem Tableau zusammen mit den Koeffizienten $\mathbf{a}_{l,d}$ als Verfahrensmatrix darstellen. Diese Darstellung ist als Butcher-Schema bekannt und ergibt, da wir hier nur explizite Verfahren betrachten, eine linke untere Dreiecksmatrix. Wir beschränken uns auf autonome Differentialgleichungen und setzen voraus, dass die

0	0				
c ₂	a ₂₁				
c ₃	a ₃₁	a ₃₂			
⋮	⋮		⋱		
c _L	a _{L,1}	a _{L,2}		a _{L,L-1}	0
	b ₁	b ₂	⋯	b _{L-1}	b _L

Tabelle A.1.: Das Butcher-Schema für explizite Verfahren

Knotenbedingung

$$c_l = \sum_{d=1}^{D-1} a_{l,d} \tag{A.6}$$

mit $l = 2, \dots, L$ stets erfüllt ist. Ein RKV ist genau dann konsistent¹, wenn $\sum_{l=1}^L b_l = 1$ ist. Ferner kann man mit Hilfe der Taylor-Entwicklung weitere Einschränkungen als die Konsistenzbedingung fordern, wie zum Beispiel die Ordnungsbedingungen.

Beispiel Wir wollen ein dreistufiges RKV konstruieren, welches ebenfalls die Ordnung $\mathcal{P} = 3$ hat. Das heißt, dass wir die Unterklasse der RKV

$$\begin{aligned} \mathbf{k}_1 &= f(\mathbf{u}_n, t_n), \\ \mathbf{k}_2 &= f(\mathbf{u}_n + \mathbf{a}_{21}h\mathbf{k}_1, t_n + c_2h), \\ \mathbf{k}_3 &= f(\mathbf{u}_n + \mathbf{a}_{31}h\mathbf{k}_1 + \mathbf{a}_{32}h\mathbf{k}_2, t_n + c_3h) \\ \Phi &= \mathbf{b}_1\mathbf{k}_1 + \mathbf{b}_2\mathbf{k}_2 + \mathbf{b}_3\mathbf{k}_3, \end{aligned}$$

mit Stufen $\mathbf{k}_1, \mathbf{k}_2$, und \mathbf{k}_3 vorliegen haben. Nun gleichen wir deren Taylorentwicklung bzgl. h im Punkt $h_0 = 0$ mit der exakten Inkrementfunktion

$$T(h; h_0) = f + \frac{1}{2}hf'f + \frac{h^2}{6}(f''ff + f'f'f) + \mathcal{O}(h^3)$$

durch Einsetzen bis auf den Fehler $\mathcal{O}(h^3)$ ab. Demnach erhält man aus

$$\begin{aligned} \Phi &= \sum_{l=1}^3 b_l f + h(b_2 a_{21} + b_3(a_{31} + a_{32}))f'f \\ &\quad + \frac{h^2}{2}((b_2 a_{21}^2 + b_3(a_{31} + a_{32})^2)f''ff + 2b_3 a_{2,1} a_{32} f'f'f) \end{aligned}$$

durch Koeffizientenvergleich

$$\begin{aligned} b_1 + b_2 + b_3 &= 1, \\ b_2 a_{21} + b_3(a_{31} + a_{32}) &= \frac{1}{2}, \\ b_2 a_{21}^2 + b_3(a_{31} + a_{32})^2 &= \frac{1}{3}, \\ 2b_3 a_{21} a_{32} &= \frac{1}{6} \end{aligned}$$

die vier Ordnungsbedingungen für $\mathcal{P} = 3$. □

¹Der Beweis kann im Buch von Hairer, Wanner et al. [HNW11] nachgeschlagen werden.

Neben Konsistenz und der Ordnung des Verfahrens sind wir auch daran interessiert, wie sich die RKV bei festem $h > 0$ im Fall $t \rightarrow \infty$ verhält. Also, wenn wir beispielsweise einen stationären Punkt suchen, der durch eine gewöhnliche Differentialgleichung beschrieben wird. Für unseren Fall reicht es aus, wenn wir annehmen, dass der instationäre Anteil der Lösung aus exponentiell abklingenden Anteilen besteht. Deswegen wollen wir das Verhalten der Gitterfunktionen der RKV für das AWP, der Testgleichung von Dahlquist,

$$\begin{aligned}\dot{\mathbf{u}} &= \lambda \mathbf{u}, \\ \mathbf{u}(0) &= \mathbf{u}_0\end{aligned}\tag{A.7}$$

mit $\lambda \in \mathbb{C}$ und $\Re(\lambda) < 0$ untersuchen. $\Re(\lambda)$ bezeichnet hier den Realteil von λ , und es ist nun möglich die Gitterfunktion in der Form

$$\mathbf{u}_n = R(z)^n \mathbf{u}_0 \quad \text{mit } z = h\lambda \text{ und } z \in \mathbb{C}$$

darzustellen. Wir fordern nach Dahlquist im Sinne der A-Stabilität, dass $\lim_{n \rightarrow \infty} \mathbf{u}_n = 0$ ist. Das ist dann gegeben, wenn $|R(z)| < 1$ für das komplexwertige Polynom $R(z)$ gilt.

Lemma A.3.1: Stabilitätsfunktion

Es sei ein RKV der Ordnung \mathcal{P} gegeben, dann folgt, dass die Stabilitätsfunktion durch

$$R(z) = 1 + z + \frac{z^2}{2!} + \frac{z^3}{3!} + \dots + \frac{z^{\mathcal{P}}}{\mathcal{P}!}$$

gegeben ist.

Den zugehörigen Beweis findet man im Buch von Hairer und Wanner [HW04].

Bemerkung Ist ein RKV stabil und hat die Konsistenzordnung \mathcal{P} , dann hat es ebenfalls die Konvergenzordnung $\mathcal{P} = L$. Die Stabilitätsfunktion lautet in diesem Fall

$$R(z) = 1 + z + \frac{z^2}{2!} + \frac{z^3}{3!} + \dots + \frac{z^L}{L!}.$$

Die Details kann man in den Büchern von Hairer und Wanner et al. [HNW11] oder [HW04] nachlesen. \square

Wir können demnach den Stabilitätsbereich eingrenzen, in dem ein gegebenes RKV stabil ist.

Beispiel Das vierstufige klassische Runge-Kutta-Verfahren besitzt die Stabilitätsfunktion

$$R(z) = 1 + z + \frac{z^2}{2!} + \frac{z^3}{3!} + \frac{z^4}{4!}$$

und grenzt folgendes Gebiet ab.

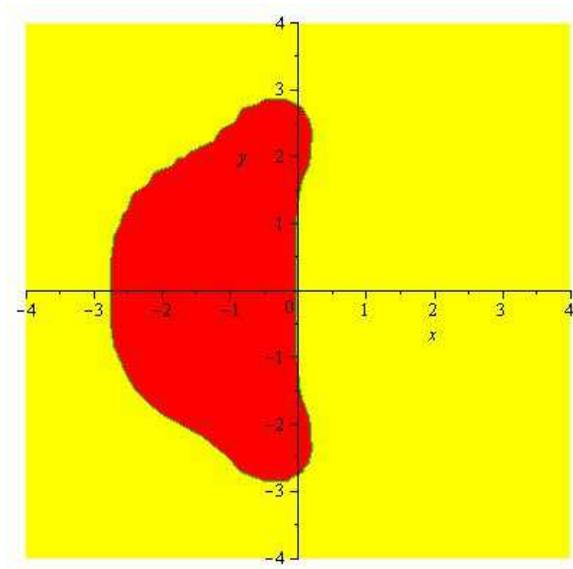


Abbildung A.2.: Stabilitätsgebiet des klassischen Runge-Kutta-Verfahrens

Der Stabilitätsbereich ist in Abbildung A.2 in Rot zu erkennen. □

Aus der Theorie der Numerik gewöhnlicher Differentialgleichungen² wissen wir, dass mit der stationären Lösung \mathbf{u}^* mit $f(\mathbf{u}^*) = \mathbf{0}$ auch $\Phi(u^*) = 0$ folgt, aber die Umkehrung im Allgemeinen für die Klasse der Runge-Kutta-Verfahren nicht gilt. Denn auch wenn wir hinreichende Konsistenz und eine geeignete Schrittweite fordern, ist die Wahl des Anfangswerts nicht beliebig.

A.4. Weitere Illustrationen von TST-Rekonstruktionen

Wir sehen hier ergänzend zu Kapitel 4.2 die mit Abbildung A.3, A.4 und A.5 weitere Perfusionskarten, die wir in Kapitel 4 eingeführt haben. Damit wollen wir uns gegebenenfalls eine bessere Vorstellung der Genauigkeit der TST-Rekonstruktion in Bezug auf die quantitativen Ergebnisse aus Abbildung 4.12 verschaffen.

²Hier wird auf die Erkenntnisse aus der Vorlesung Numerik gewöhnlicher Differentialgleichungen zurückgegriffen, die im Wintersemester 2010/11 von Herrn Professor Dr. Warnecke gehalten wurde.

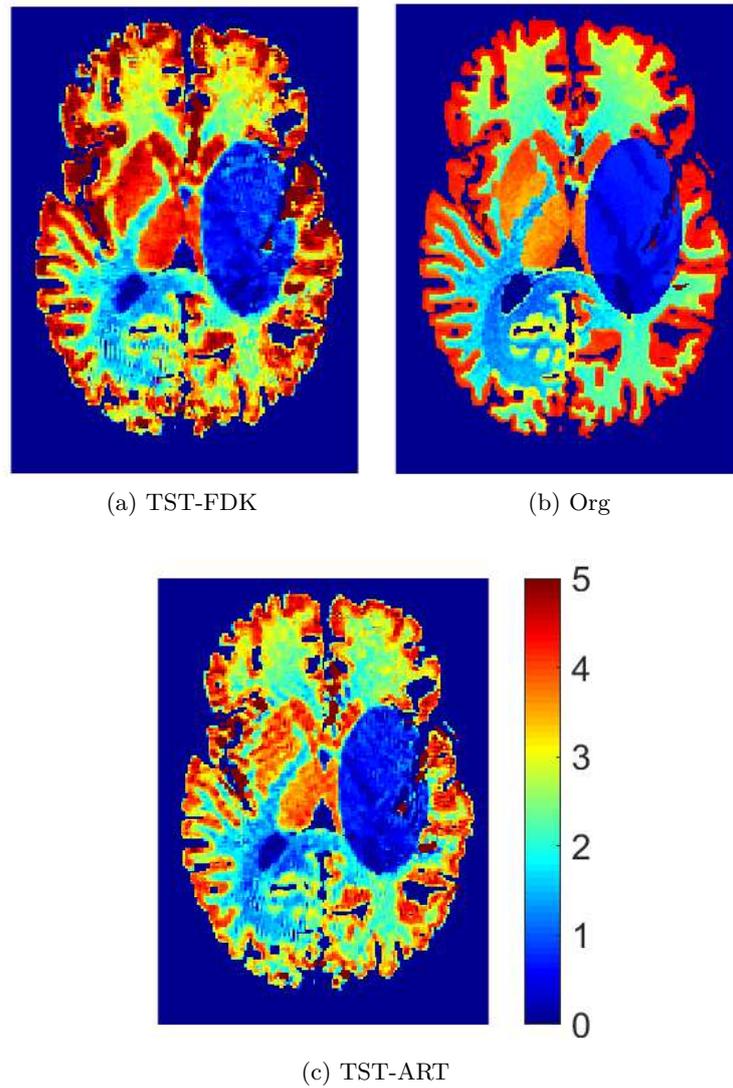


Abbildung A.3.: Weitere Illustration der TST (CBV):

Für eine bessere Vorstellung zeigen wir hier wiederholt die CBV in $\left[\frac{\text{ml}}{100\text{g}}\right]$, wie in Abbildung 4.9. Wir sehen hier insbesondere den qualitativen Unterschied zwischen TST-ART und TST-FDK.

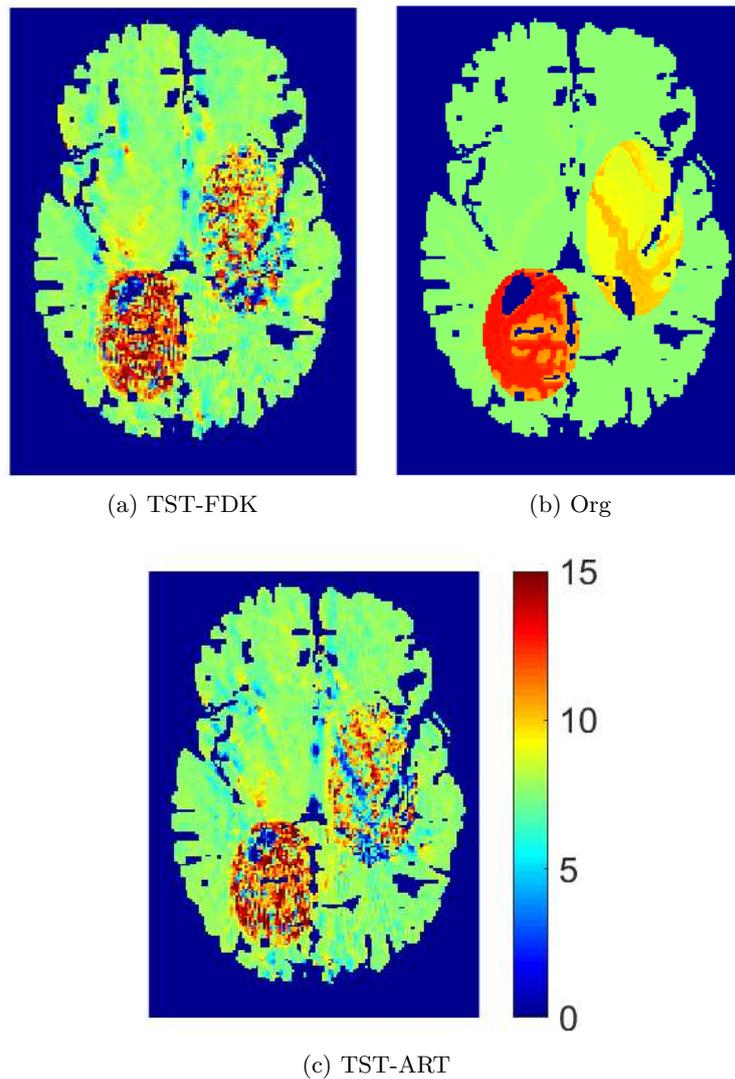


Abbildung A.4.: Weitere Illustration der TST (MTT):
Für eine bessere Vorstellung zeigen wir hier die MTT in [s]. Wir sehen hier ebenfalls den qualitativen Unterschied zwischen TST-ART und TST-FDK.

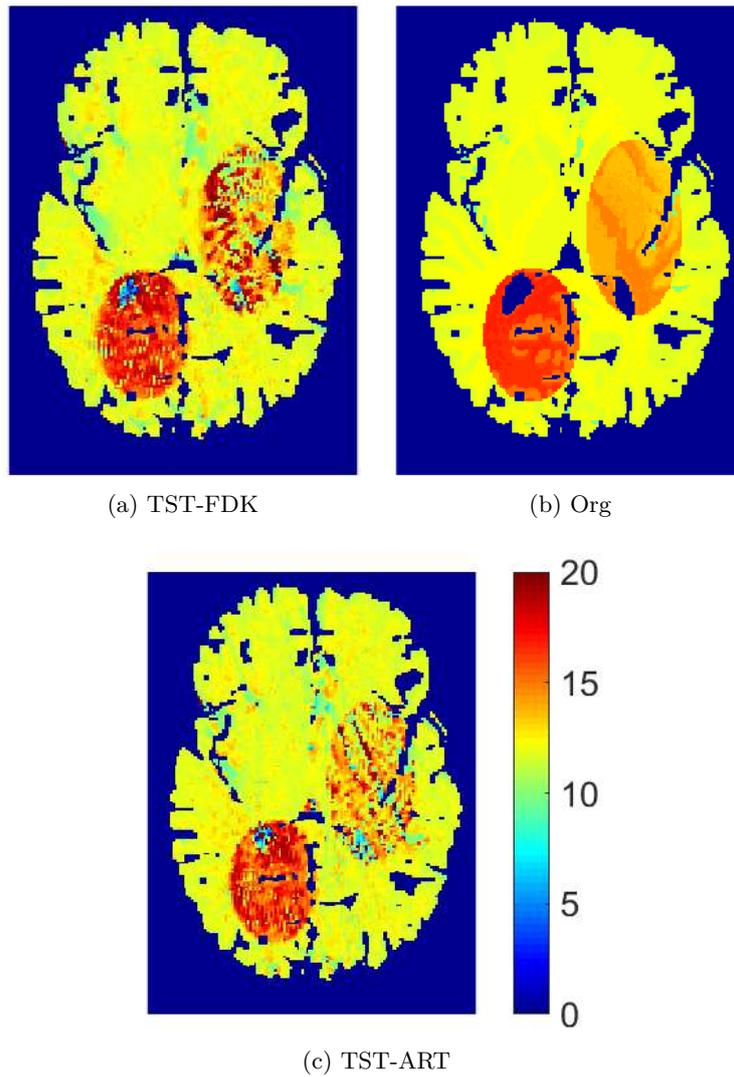


Abbildung A.5.: Weitere Illustration der TST (TTP):

Für eine bessere Vorstellung zeigen wir hier die TTP in [s]. Wir sehen hier ebenfalls den qualitativen Unterschied zwischen TST-ART und TST-FDK.

